

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E FAMÍLIAS
ENDOGÂMICAS (S_1) DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS
BIOENERGÉTICOS VIA ANÁLISE GT BIPLLOT E MODELOS MISTOS
(REML/BLUP)

CLEUDIANE LOPES LEITE

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2025

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E FAMÍLIAS
ENDOGÂMICAS (S_1) DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS
BIOENERGÉTICOS VIA ANÁLISE GT BILOT E MODELOS MISTOS
(REML/BLUP)

CLEUDIANE LOPES LEITE

“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. Dr. Rogério Figueiredo Daher

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2025

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

L533

Leite, Cleudiane Lopes.

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS (S_1) DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS BIOENERGÉTICOS VIA ANÁLISE GT BILOT E MODELOS MISTOS (REML/BLUP) / Cleudiane Lopes Leite. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

88 f.

Bibliografia: 65 - 76.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2025.
Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. Biomassa. 2. Capim-elefante. 3. Bioenergia. 4. Famílias endogâmicas. 5. Energia renovável. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E FAMÍLIAS
ENDOGÂMICAS (S₁) DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS
BIOENERGÉTICOS VIA ANÁLISE GT BILOT E MODELOS MISTOS
(REML/BLUP)

CLEUDIANE LOPES LEITE

“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 28 de março de 2025.

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente
FLAVIO DESSAUNE TARDIN
Data: 27/06/2025 12:35:54-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Flávio Dessaune Tardin (D.Sc., Produção Vegetal) - Embrapa

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

Dr. Moisés Ambrósio (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

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

DEDICATÓRIA

A Deus e à minha família, em especial meus pais e meus irmãos pelo apoio e carinho.

Dedico!

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, que iluminou meus caminhos e pensamentos durante todo esse percurso, dando-me força e inspiração para seguir em frente;

Aos meus pais, Antônio Cláudio e Maria do Socorro, minha eterna gratidão pelo amor, carinho e ensinamentos que moldaram minha vida e pelo incentivo constante aos meus estudos, sem vocês, nada disso seria possível;

Aos meus irmãos, Carleane, Carlene, Claudenir, Cláudio, Caio, Raimunda e Raimundo pelo apoio incondicional e por sempre acreditarem em mim, vocês são minha base e inspiração diária;

Ao meu orientador, Rogério Figueiredo Daher, pela oportunidade de desenvolver este trabalho, pela paciência, dedicação e confiança ao longo dessa jornada. Suas orientações foram fundamentais para o sucesso desta pesquisa;

Um agradecimento especial aos amigos e colegas de república, Daniele, Laura, Samuel e Ueliton por estarem presentes nos momentos, tornando esta caminhada mais leve e significativa;

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, José Daniel, pelo excelente trabalho em manter-nos informados e por toda a competência na organização e preparação dos documentos;

Aos técnicos de campo da PESAGRO, por todo o suporte durante a condução e as avaliações do experimento, em especial ao Romildo, Luiz, Júlio, João, Doriam e outros que participaram deste processo;

Aos professores do programa, pelas aulas ministradas e pela partilha de conhecimento, que foram essenciais para a minha formação acadêmica;

Aos colegas de curso, que compartilharam comigo momentos de estudo e superação, juntos enfrentamos desafios e celebramos conquistas;

Agradecimentos à equipe do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG), especialmente ao grupo de capim-elefante e feijão, bem como aos pós-doutorandos Grasiela Santana e Moisés Ambrósio, pelas contribuições importantes para este trabalho;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela oportunidade de aprimorar meu conhecimento e contribuir para a ciência;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - Código de Financiamento 001 e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) pela concessão das bolsas de estudo que possibilitaram a realização deste trabalho.

MUITO OBRIGADA!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Objetivo geral.....	4
2.2 Objetivos específicos.....	4
3. CAPÍTULOS	5
3.1 ANÁLISE GT <i>BI</i> PLOT EM GENÓTIPOS DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS S₁ DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS BIOENERGÉTICOS	5
3.1.1 INTRODUÇÃO	5
3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA	8
3.1.2.1 Origem e características do capim-elefante.....	8
3.1.2.2 Melhoramento genético do capim-elefante.....	10
3.1.2.3 Análise GT- <i>Biplot</i>	12
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1.3.1 Local, delineamento experimental e população avaliada.....	14
3.1.3.2 Avaliação do experimento.....	16
3.1.3.3 Características avaliadas.....	16
3.1.3.4 Análises estatísticas.....	18
3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
3.1.5 CONCLUSÕES	32

3.2 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM FAMÍLIAS S₁ DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS BIOENERGÉTICOS VIA MODELOS MISTOS (REML/BLUP)	33
3.2.1 INTRODUÇÃO	33
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA	35
3.2.2.1 Interação genótipo x ambiente.....	35
3.2.2.2 Estudo de adaptabilidade e estabilidade e no melhoramento genético de plantas via modelos mistos (REML/BLUP).....	37
3.2.2.3 Uso do capim-elefante como fonte de bioenergia.....	41
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS	43
3.2.3.1 Local, delineamento e população avaliada	43
3.2.3.2 Avaliação do experimento	45
3.2.3.3 Características avaliadas	46
3.2.3.4 Análises estatísticas.....	48
3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	52
3.2.5. CONCLUSÕES	64
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	65

RESUMO

LEITE, Cleudiane Lopes; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março de 2025; AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS (S_1) DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS BIOENERGÉTICOS VIA ANÁLISE GT BIPLLOT E MODELOS MISTOS (REML/BLUP); Orientador: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher; Conselheiros: D.Sc. Alexandre Pio Viana e D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina.

A biomassa do capim-elefante, *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone, tem ganhado destaque como uma fonte estratégica para a produção de bioenergia. Este estudo teve como objetivo avaliar e selecionar famílias endogâmicas (S_1) de capim-elefante para fins bioenergéticos, utilizando as metodologias GT Biplot e modelos mistos (REML/BLUP). O experimento foi conduzido na Estação Experimental do CEPAAAR, da Pesagro-Rio, em parceria com a UENF, em Campos dos Goytacazes, RJ. Foram utilizados 11 acessos da coleção da UENF, autofecundados para gerar a primeira geração endogâmica (S_1). As mudas foram produzidas em bandejas e transplantadas ao campo após 45 dias. O delineamento foi em blocos casualizados, com três repetições, 11 famílias e seis plantas por parcela. As avaliações ocorreram em três cortes: setembro de 2022, julho de 2023 e maio de 2024. Foram mensuradas cinco características agronômicas: número de perfilhos por touceira (NP), diâmetro de colmo (DC), altura de planta (ALT), produção de matéria seca (PMS) e porcentagem de matéria seca (%MS). Na primeira etapa, realizou-se análise de multicolinearidade, correlação de Pearson e análise GT Biplot, buscando compreender as relações entre os genótipos e as características. Na segunda

etapa, aplicaram-se modelos mistos para análise de variância, estimação de parâmetros genéticos, predição de ganhos, além da avaliação da adaptabilidade e estabilidade das famílias, utilizando o software SELEGEN/REML-BLUP. Os resultados do GT Biplot mostraram variação genética significativa entre as 11 famílias, sendo PMS e NP os caracteres de maior destaque. A família F6 apresentou o melhor desempenho médio, indicando alto potencial genético. Houve uma forte correlação positiva (0,68) entre produção de matéria seca e número de perfilhos, evidenciando que o aumento no perfilhamento favorece maior biomassa. A análise de componentes principais explicou 67,75% da variação total, destacando PMS, DC e ALT como as características mais importantes na diferenciação dos genótipos. As famílias F7 e F6 foram identificadas como as mais promissoras, com grande potencial para desenvolvimento de cultivares bioenergéticas. Entre os genótipos com melhor desempenho, destacaram-se G059 (F11), G166 (F7), G001 (F1), G116 (F9), G095 (F6), G044 (F8), G130 (F1), G034 (F7), G033 (F6), G097 (F6), G063 (F11), G170 (F8) e G039 (F7), considerados fenotipicamente próximos do perfil ideal. Na análise dos três cortes, as famílias F11, F6, F1, F4 e F8 apresentaram os melhores desempenhos médios, enquanto F11, F8, F6, F1 e F3 mostraram maior adaptabilidade e estabilidade para a maioria dos caracteres avaliados. Esses resultados indicam que essas famílias possuem elevado potencial para programas de melhoramento genético voltados à produção de biomassa. Como próxima etapa, os genótipos mais produtivos e divergentes serão autofecundados para gerar famílias endogâmicas de segunda geração (S_2). Essas linhagens S_2 serão fundamentais para obtenção de híbridos superiores, visando o desenvolvimento de novas cultivares de capim-elefante, com alto rendimento e eficiência para bioenergia.

Palavras Chaves: Biomassa; Capim-elefante; Bioenergia; Famílias endogâmicas; Energia renovável.

ABSTRACT

LEITE, Cleudiane Lopes; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March 2025; EVALUATION AND SELECTION OF INBRED GENOTYPES AND FAMILIES (S₁) OF ELEPHANT GRASS FOR BIOENERGY PURPOSES USING GT BILOT ANALYSIS AND MIXED MODELS (REML/BLUP); Advisor: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher; Committee members: D.Sc. Alexandre Pio Viana and D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina.

The biomass of elephant grass, *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone, has gained prominence as a strategic source for bioenergy production. This study aimed to evaluate and select inbred families (S₁) of elephant grass for bioenergy purposes using the GT Biplot methodology and mixed models (REML/BLUP). The experiment was conducted at the Experimental Station of CEPAAAR, linked to Pesagro-Rio, in partnership with the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), located in Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil. Eleven accessions from UENF's collection were self-pollinated to obtain the first inbred generation (S₁). Seedlings were produced in styrofoam trays and transplanted to the field after 45 days. The experimental design was a randomized block with three replications, 11 families, and six plants per plot. Evaluations were carried out in three harvests: September 2022, July 2023, and May 2024. Five agronomic traits were measured: number of tillers per clump (NT), stem diameter (SD), plant height (PH), dry matter yield (DMY), and dry matter percentage (%DM). In the first stage, multicollinearity analysis, Pearson correlation, and GT Biplot analysis were performed to understand the relationships between genotypes and traits. In the second stage, mixed models were applied for variance analysis, estimation of genetic parameters, prediction of

genetic gains, and evaluation of adaptability and stability of the families using SELEGEN/REML-BLUP software. The GT Biplot results showed significant genetic variation among the 11 inbred families, with DMY and NT being the most prominent traits. Family F6 exhibited the highest mean performance, indicating great genetic potential. A strong positive correlation (0.68) between dry matter yield and number of tillers was observed, suggesting that higher tillering contributes to greater biomass production. The principal component analysis explained 67.75% of the total variation, with DMY, SD, and PH being the most influential traits for genotype differentiation. Families F7 and F6 were identified as the most promising, showing high potential for the development of bioenergy-oriented cultivars. Among the best-performing genotypes were G059 (F11), G166 (F7), G001 (F1), G116 (F9), G095 (F6), G044 (F8), G130 (F1), G034 (F7), G033 (F6), G097 (F6), G063 (F11), G170 (F8), and G039 (F7), all considered phenotypically close to the ideal profile. In the analysis across the three harvests, families F11, F6, F1, F4, and F8 showed the best average performances, while F11, F8, F6, F1, and F3 demonstrated greater adaptability and stability for most evaluated traits. These results indicate that these families have high potential for breeding programs aimed at biomass production. As the next step, the most productive and divergent genotypes will be self-pollinated to generate second-generation inbred families (S_2). These S_2 lines will be fundamental for obtaining superior hybrids, targeting the development of new high-yielding elephant grass cultivars optimized for bioenergy production.

Keywords: Biomass; Elephant grass; Bioenergy; Inbred families; Renewable energy.

1. INTRODUÇÃO

O aumento no consumo e demanda de energia elétrica é um problema mundial, cuja maior parte de sua produção é efetuada em usinas termelétricas. Este modelo de produção de energia elétrica, que na maioria das usinas produtoras utiliza combustíveis fósseis como matéria-prima, ganhou grande repercussão no mundo por ser fonte do aumento do nível de CO₂ na atmosfera, principal gás que acelera o efeito estufa (Anderson et al., 2021). Para completar a demanda energética, a biomassa de várias plantas vem sendo testada como matéria-prima para a produção de energia renovável, entre estas, a utilização da biomassa proveniente do capim-elefante, *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone, uma gramínea que vem adquirindo importância nos estudos para uso com fins energéticos (Tavares e Santos, 2013).

Desta forma, o capim-elefante exibe características desejáveis para utilização na produção de energia renovável, pois é uma monocotiledônea e como tal, apresenta o colmo como uma parte fibrosa, mais dura, que forma a casca e uma medula com feixes vasculares, com estrutura morfológica bastante semelhante à do bagaço de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), o qual apresenta a seguinte composição média: 65% de fibras e 35% de material não fibroso (Quesada et al., 2004).

Portanto, o uso de energias renováveis utilizando como fonte o capim-elefante pode contribuir para diminuir a dependência do uso petróleo, carvão mineral e gás natural que são considerados fósseis. Além disso, o grande desafio

será atender a demanda futura conservando pelo menos os atuais níveis de participação das fontes renováveis que nos últimos anos, tem fornecido aproximadamente 14% da demanda total de energia mundial, das quais 8,8% pertencem ao uso de biomassa (IEA, 2023). Para tanto, será necessário ousar na busca por novas fontes e processos, como o de transformar em negócios sustentáveis projetos que se encontram há muito tempo nas prateleiras dos laboratórios de pesquisa, utilizando o melhoramento de plantas com potencial energético para tais fins (Pereira, 2014).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo um Programa de Melhoramento Genético de capim-elefante almejando a obtenção de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas da Região Norte Fluminense, para atender as demandas para aptidão forrageira e para bioenergia. Dentre as pesquisas estão aquelas que visam obter genótipos superiores para alimentação na produção animal, com qualidade como forrageira (Oliveira et al., 2013; Schneider, 2013; Silva et al., 2014) e para produção de energia, genótipos com potencial energético (Lima et al., 2011; Barbé, 2012; Daher et al., 2014; Menezes et al., 2014; Oliveira et al., 2014; Rossi et al., 2014; Santos et al., 2014; Rocha et al., 2015; Sousa et al., 2016; Vidal et al., 2022; Santana et al., 2023; Ambrósio et al., 2024; Santana et al., 2024), onde vem apresentando resultados promissores. Desta forma, surge assim uma nova forma de melhoramento da espécie, via famílias endogâmicas para obtenção de híbridos altamente produtivos, a utilização de famílias endogâmicas no capim-elefante é inédita, a UENF entra como pioneira na obtenção, avaliação e seleção de famílias endogâmicas de capim-elefante.

A obtenção de linhagens endogâmicas para a produção de híbridos representa uma estratégia ainda pouco explorada no melhoramento genético do capim-elefante. No entanto, essa abordagem pode proporcionar avanços significativos, uma vez que o melhoramento genético baseado na obtenção de híbridos intra e interespecíficos amplia as possibilidades de desenvolvimento de novas cultivares mais produtivas e adaptadas às diferentes condições ambientais (Pereira et al., 2001). A endogamia é um método essencial nesse processo, pois permite a fixação de alelos favoráveis, possibilitando a posterior recombinação gênica na fase de hibridação, resultando em genótipos superiores (Borém et al., 2017).

Neste contexto a escolha adequada dos genótipos e a correta interpretação dos dados são fundamentais para o sucesso do melhoramento. Para isso, a análise *Biplot* genótipo-característica (GT *Biplot*) surge como uma ferramenta estatística poderosa para investigar correlações entre características, avaliar genótipos com base em múltiplas variáveis e identificar indivíduos com desempenhos superiores. Essa metodologia multivariada facilita a visualização e a interpretação de dados complexos, auxiliando na tomada de decisões em programas de melhoramento genético. Além de permitir a seleção de genótipos superiores, o GT *Biplot* possibilita uma análise detalhada das inter-relações entre características agrônômicas, contribuindo para a identificação de materiais promissores (Yan e Kang, 2003).

Complementando, a metodologia de modelos mistos (*REML/BLUP*) permite considerar erros correlacionados dentro de locais de avaliação, bem como mensurar a estabilidade e a adaptabilidade de genótipos orientando a seleção dos superiores. Além disso, fornece valores genéticos já descontados efeitos ambientais e pode ser aplicada a qualquer número de ambientes, gerando resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, algo que outros métodos não permitem. Esse modelo possibilita a seleção de genótipos específicos para cada local, a seleção de genótipos estáveis por meio dos locais, a seleção de genótipos responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente e à seleção pelos três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade) simultaneamente (Viana e resende, 2014).

A integração do GT *Biplot* com *REML/BLUP* aprimora a seleção de genótipos ao combinar análise estatística robusta com uma abordagem visual intuitiva, contribuindo para o avanço da pesquisa e o desenvolvimento de genótipos de capim-elefante mais eficientes para a produção de bioenergia.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Avaliar e selecionar genótipos e famílias endogâmicas (S_1) de capim-elefante para fins bioenergéticos via análise GT *Biplot* e modelos mistos (*REML/BLUP*).

2.2 Objetivos específicos

- I. Entender as relações entre características agronômicas de capim-elefante, particularmente entre aquelas que são objetivos-chave do melhoramento;
- II. Entender os perfis de características dos genótipos da população de famílias S_1 de capim-elefante;
- III. Avaliar os genótipos da população de famílias S_1 de capim-elefante baseado em múltiplas características;
- IV. Estimar parâmetros genéticos e predizer os valores genotípicos via modelos mistos *REML/BLUP* em planta individual dentro de progênie para fins energéticos para as condições edafoclimáticas do Norte Fluminense;
- V. Avaliar, usando *REML/BLUP*, a adaptabilidade, a estabilidade e a produtividade das famílias endogâmicas de capim-elefante;
- VI. Indicar os genótipos mais promissores para serem selecionados e autofecundados, com o objetivo de obter famílias endogâmicas (S_2) de capim-elefante, dando continuidade ao programa em desenvolvimento.

3. CAPÍTULOS

3.1 ANÁLISE GT *BI*PLOT EM GENÓTIPOS DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS S₁ DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS BIOENERGÉTICOS

3.1.1 INTRODUÇÃO

A energia é fundamental nas relações internacionais, atuando como vetor de poder e elemento da soberania nacional. Questões como mudanças climáticas, conflitos energéticos e a volatilidade nos preços dos combustíveis destacam a influência do cenário global nas políticas energéticas nacionais. Nesse contexto, as energias renováveis surgem como alternativa estratégica à dependência de recursos externos, como o petróleo, e na mitigação das mudanças climáticas (Duarte, 2023).

De acordo com o Balanço Energético Nacional (2024), quase metade da matriz energética brasileira provém de fontes renováveis, o que contribui para emissões significativamente menores de gases de efeito estufa quando comparadas às grandes economias globais, como Estados Unidos, União Europeia e China. Entre as fontes renováveis em destaque estão a biomassa, com um aumento de 5,9% na produção de etanol em 2019, e a energia eólica, que registrou um crescimento de 15,5% na produção de eletricidade entre 2018 e 2019 (Teixeira

e Silva, 2021). Com esse contexto, o Brasil apresenta um vasto potencial para exploração de outras fontes de energia renovável, dado seu território diverso e rico em recursos naturais.

Entre as fontes renováveis presentes na matriz energética brasileira, a biomassa é uma alternativa promissora para diversificar matrizes energéticas, substituindo combustíveis fósseis na geração de bioeletricidade em UTEs (usinas termelétricas). No Brasil, fontes tradicionais como lenha e cana-de-açúcar já são amplamente utilizadas, enquanto a biomassa proveniente do capim-elefante, oferece grande potencial para uma matriz energética mais sustentável, reduzindo a dependência de combustíveis fósseis (Andrade; Martins, 2021). Apesar de não ser amplamente utilizado na matriz energética como outras fontes renováveis, o capim-elefante, *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone, destaca-se como uma opção relevante devido à sua natureza forrageira perene, sua capacidade de produção contínua de matéria seca revelando um potencial notável, especialmente quando se considera suas características vantajosas para a geração de energia renovável.

Vale ressaltar que as ações propostas neste estudo estão diretamente conectadas aos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) preconizados pela Organização das Nações Unidas (ONU), a adoção de práticas de agricultura sustentável, a acessibilidade a fontes de energia limpa e a ação contra a mudança global do clima são aspectos fundamentais deste trabalho. Os ODS abrangem uma ampla gama de questões de desenvolvimento social e econômico, incluindo a erradicação da pobreza e da fome, a promoção da saúde e da educação, o combate ao aquecimento global, a igualdade de gênero, o acesso à água limpa e ao saneamento, a energia acessível e limpa, a urbanização sustentável, a proteção do meio ambiente e a justiça social (Adams et al., 2020).

Com base nisso, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo um Programa de Melhoramento Genético de capim-elefante almejando a obtenção de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas da Região Norte Fluminense. Esse programa busca atender às demandas tanto para aptidão forrageira quanto para bioenergia. Recentemente, os esforços foram ampliados e vem se desenvolvendo o estudo voltado para a obtenção de famílias endogâmicas, essa abordagem envolve a criação de populações com alta homozigose, permitindo maior controle genético, fixação de

características desejáveis e desenvolvimento de híbridos com alto vigor (Borém et al., 2017). Nesse contexto, a UENF se destaca como pioneira na obtenção, avaliação e seleção de famílias endogâmicas de capim-elefante (Ambrósio et al., 2024; Santana et al., 2024).

A variabilidade genética é crucial para o desenvolvimento de variedades superiores que atendam às demandas crescentes da população. Ela permite a identificação e a modificação de genes adaptativos e produtivos, com isso permite a seleção de genótipos com melhor desempenho em características como rendimento e qualidade (Nikhil et al., 2023). Para garantir a eficiência desse processo, a estimativa da divergência genética entre indivíduos ou populações é essencial. Para isso, são empregados modelos biométricos, aplicados por meio de técnicas estatísticas uni, bi e multivariadas. Esses métodos utilizam informações fenotípicas e/ou genotípicas para mensuração de dissimilaridade, permitindo uma avaliação mais precisa da diversidade genética presente no germoplasma disponível (Sudré et al., 2005; Cordeiro et al., 2021).

Dentre as abordagens utilizadas para identificar as características mais relevantes na seleção dos melhores genótipos, destaca-se a análise *Biplot* de genótipo-característica (GT *Biplot*). De acordo com Yan (2014) essa ferramenta multivariada possui dois objetivos principais. Primeiro, compreender as relações entre as características, especialmente aquelas que são chave para o melhoramento. Segundo entender os perfis de características dos genótipos. Além disso, cada genótipo pode ser visto como um conjunto de características. É esse conjunto (perfil de características), e não apenas uma característica isolada, que determina a utilidade e a superioridade de um genótipo. Assim, com base nesse perfil, um genótipo pode ser utilizado ou descartado na seleção.

Diante do exposto, este estudo teve como objetivo avaliar a variabilidade na população S₁ de capim-elefante, levando em consideração cinco características agronômicas, com a finalidade de identificar as relações entre essas características, delinear os perfis dos genótipos com base em múltiplas características e identificar os genótipos superiores do capim-elefante para fins energéticos, utilizando a análise GT *Biplot*.

3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1 Origem e características do capim-elefante

O capim-elefante, *Cenchrus purpureus* (Schumach) Morrone, é uma das gramíneas mais amplamente difundidas nas regiões tropicais e subtropicais do mundo, devido à sua alta adaptabilidade e versatilidade. Originário da África Tropical, especificamente da faixa entre as latitudes 10 °N e 20 °S, foi descoberto em 1905 pelo coronel Napier, inicialmente disseminado por todo o continente africano, o capim-elefante foi introduzido no Brasil em 1920, provenientes de Cuba, consolidando-se como uma das principais gramíneas utilizadas em sistemas agrícolas brasileiros (Urquiaga et al., 2006). A descrição do capim-elefante desde sua descrição original que teve início em 1827, vem sofrendo modificações ao longo do tempo, a espécie *Pennisetum purpureum* pertence à família Graminae, subfamília Panicoideae, tribo Paniceae, gênero *Pennisetum* L. Rich e espécie *P. purpureum* Schumacher (Stebbins e Crampton, 1961).

Contudo em estudos baseados em caracteres morfológicos e análises moleculares propuseram a reclassificação do capim-elefante como *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone (Chemisquy et al, 2010; Gutiérrez, 2015). Essa espécie pertence ao gênero *Pennisetum*, que engloba mais de 140 espécies com diferentes níveis de ploidia, variando de diploides à octaploides (Techio et al., 2006). Especificamente, o capim-elefante é uma planta alotetraploide ($2n=4x=28$), com comportamento diploide normal e genoma A'A'BB (Techio et al., 2008). Além disso, trata-se de uma planta alógama, caracterizada por um alto grau de heterozigose. Sua taxa de polinização cruzada depende da época de florescimento e do arranjo físico das populações. Apresenta protoginia, com um intervalo médio de três a quatro dias entre a emissão dos estigmas e a abertura das anteras. Essa variação no período de florescimento permite a classificação dos genótipos em precoces, intermediários e tardios (Pereira, 1994), influenciando diretamente a taxa de cruzamento entre indivíduos e a variabilidade genética da espécie.

O capim-elefante é uma gramínea perene de crescimento cespitoso, podendo atingir de 3 a 5 metros de altura. Seus colmos são eretos, dispostos em touceiras abertas ou compactas, com diâmetro de até 2 cm e entrenós que alcançam 20 cm. Possui rizomas curtos e folhas alternadas, que podem ser verde-

escuras, verde-claras ou roxas, pubescentes ou não, medindo até 10 cm de largura e 110 cm de comprimento. Sua nervura central é larga e esbranquiçada, e a bainha é lanosa, invaginante e estriada. A inflorescência é uma panícula terminal, sedosa e contraída, com racemos espiciformes em forma de espiga, medindo cerca de 15 cm de comprimento. Suas espiguetas estão envolvidas por cerdas desiguais, de coloração amarelada ou púrpura. O capim-elefante se destaca pela produção abundante de perfis aéreos e basilares, formando densas touceiras. Embora seja uma espécie robusta e de alto crescimento, suas touceiras não cobrem completamente o solo (Alcantara e Bufarah, 1999; Deresz, 1999).

O capim-elefante é uma planta sensível ao encharcamento do solo, exigindo cuidados na escolha das áreas de cultivo. Regiões da propriedade sujeitas a inundações ou à elevação do lençol freático devem ser evitadas, pois comprometem o desenvolvimento da planta. Áreas com declividade superior entre 25% e 30% também não são recomendadas, devido à dificuldade de mecanização e ao hábito de crescimento cespitoso do capim-elefante, que, no início do estabelecimento, pode deixar o solo exposto e suscetível à erosão (Deresz, 1994).

A espécie apresenta alta adaptabilidade a diferentes ambientes, podendo ser cultivada desde o nível do mar até altitudes de 2.200 metros. É tolerante a uma faixa ampla de temperaturas, entre 18°C e 30°C, mas também resiste a condições de frio moderado. Em relação ao regime pluviométrico, o capim-elefante sobrevive com precipitações anuais entre 800 mm e 4.000 mm, demonstrando bom desempenho em regiões quentes e úmidas, a planta é resistente à alta radiação solar e se adapta a uma grande variedade de tipos de solo, com exceção daqueles com pouca drenagem, pois o acúmulo de água pode prejudicar seu desenvolvimento (Lopes, 2004).

O capim-elefante pode ser classificado em quatro grupos morfológicos com base em características agronômicas, função discriminatória e constituição genética, além de um grupo adicional de híbridos (Pereira, 1994). O Grupo Anão é composto por genótipos adaptados ao pastejo, com porte baixo (cerca de 1,5 m), menor comprimento dos entrenós e alta relação lâmina com colmo. O Grupo Camarões apresenta plantas de porte ereto, colmos grossos, predominância de perfilhos basilares, folhas largas e touceiras densas, além de florescimento tardio (maio a julho) ou ausente, incluindo genótipos como Camarões e Guaçu. O Grupo Mercker caracteriza-se por plantas menores, com colmos e folhas finas,

florescimento precoce (março a abril) e maior número de folhas. O Grupo Napier inclui plantas com colmos grossos, folhas largas, touceiras abertas e florescimento intermediário (abril a maio), sendo representado pelos genótipos Napier e Taiwan A-146. Já o Grupo dos Híbridos resulta de cruzamentos entre espécies do gênero *Pennisetum*, especialmente cruzamento entre o capim elefante (*Cenchrus purpureus*) e milheto (*P. glaucum*), passando a combinar características desejáveis para diferentes aplicações.

3.1.2.2 Melhoramento genético do capim-elefante

O melhoramento genético é a arte e a ciência que visa a obtenção de plantas geneticamente superiores. O melhoramento de plantas vem sendo realizado desde os primórdios da agricultura, quando os agricultores começaram a selecionar as espécies e variedades mais desejáveis. Entre as maiores contribuições do melhoramento de plantas destacam-se o aumento da produtividade, melhoria da qualidade nutricional de alimentos a exemplo do aumento no teor de vitamina A e matéria seca na batata, teor de proteínas no feijão, fibras mais resistentes no algodão. Além disso, outras necessidades como melhoria para a obtenção de variedades para colheita mecanizada, melhoramento da arquitetura de plantas, uniformidade, precocidade, plantas resistentes a pragas, doenças e às condições adversas de solo e de clima (Borém et al., 2017; Amabile et al., 2018).

O melhoramento do capim-elefante foi utilizado inicialmente com objetivo em genótipos com aptidão apenas para alimentação animal. Contudo, a grande demanda por combustíveis fósseis, e a emissão de gases do efeito estufa pela utilização desses combustíveis, fez com que novos estudos fossem realizados a fim de substituí-los por fontes alternativas de energia renovável (Paterlini et al., 2013). Dentre as fontes alternativas está a biomassa, que é uma fonte promissora de energia, e o melhoramento do capim-elefante para fins energéticos visa aumentar a produção de fibra, conseqüentemente elevando a produção de biomassa e contribuindo de forma sustentável para a demanda energética. No Brasil, a biomassa destaca-se como uma fonte renovável promissora. Embora as fontes tradicionais, como lenha e cana-de-açúcar, já sejam amplamente utilizadas, as biomassas modernas voltadas para fins energéticos apresentam um grande

potencial de implantação. Desta forma, tem-se culturas promissoras como o capim-elefante, sorgo biomassa, bambu, quenga de coco Bahia e outras que podem contribuir significativamente para a matriz energética do país, promovendo uma produção de energia sustentável e reduzindo a dependência de combustíveis fósseis (Andrade; Martins, 2021).

Além disso, vale destacar que a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo um Programa de Melhoramento Genético de capim-elefante almejando a obtenção de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas da região Norte Fluminense, para atender as demandas para aptidão forrageira e para bioenergia. Dentre as pesquisas realizadas, estão as que visam genótipos superiores para alimentação na produção animal, com qualidade como forrageira (Oliveira et al., 2013; Schneider, 2013; Silva et al., 2014) e para produção de energia, genótipos com potencial energético (Lima et al., 2011; Barbé, 2012; Daher et al., 2014; Menezes et al., 2014; Oliveira et al., 2014; Rossi et al., 2014; Santos et al., 2014; Rocha et al., 2015; Sousa et al., 2016).

O conhecimento sobre a propagação e o sistema reprodutivo de uma espécie é essencial para a definição e aplicação de estratégias eficientes para o melhoramento genético. O capim-elefante produz grande quantidade de sementes com boa capacidade de germinação, podendo ser geradas por cruzamentos ou autofecundação. Em relação ao modo de propagação, a propagação vegetativa é a mais comum e apresenta a vantagem de formar populações uniformes, mantendo a constituição genotípica dos clones (Pereira et al., 2021).

Recentemente a UENF vem inovando no estudo do melhoramento do capim-elefante com a obtenção de famílias endogâmicas para o alcance de híbridos altamente produtivos, sendo que a utilização de famílias endogâmicas no capim-elefante é inédita, ou seja, a UENF entra como pioneira (Ambrósio et al., 2024, Santana et al., 2024) na obtenção e avaliação e seleção de famílias endogâmicas de capim-elefante. Trata-se de uma estratégia de melhoramento genético de plantas que quando ocorre as combinações adequadas, produzirão híbridos superiores às populações de origem dessas linhagens (Borém et al., 2017). A prática da autofecundação é comum na obtenção de linhagens para produção de híbridos em culturas de alto rendimento no setor agrícola como o milho (Vilarinho et al., 2008) e em goiabeira (Ambrósio et al., 2023), por exemplo. Portanto, é recomendável a utilização de progênes endogâmicas no melhoramento de

populações alógamas para caracteres de baixa herdabilidade, pois a endogamia conduz ao aumento da variância entre as médias das progênes, enquanto a variância dentro das progênes diminui. Isso possibilita maior facilidade de seleção dos genótipos superiores, conseqüentemente determinando maior progresso genético (Paterniani e Miranda Filho, 1987) .

Para plantas alógamas como o capim-elefante, as estratégias mais comumente empregadas incluem introdução e seleção de plantas, hibridação intra e interespecífica, bem como seleção recorrente fenotípica (Pereira et al., 2003). Uma abordagem ainda pouco explorada no melhoramento do capim-elefante é a formação de linhagens endogâmicas objetivando o desenvolvimento de híbridos. Esse método, que envolve uma endogamia para fixação de genes adequada, oferece grande potencial para o desenvolvimento de novas cultivares. Após a obtenção das linhagens endogâmicas, é possível realizar recombinações por meio de hibridação, criando oportunidades para o desenvolvimento de híbridos intra e interespecíficos (Borém et al., 2017). O melhoramento genético aplicado a híbridos intra e interespecíficos expande as possibilidades do desenvolvimento do capim-elefante, resultando em cultivares com características desejáveis e desempenho aprimorado (Pereira et al., 2001).

3.1.2.3 Análise GT-*Biplot*

Desenvolvido por Gabriel (1971) o método ou análise *Biplot*, apresenta graficamente resultados de análise de componentes principais ou de decomposição de valores individuais (Yan e Kang, 2003). A análise de dados genótipo-característica (GT *Biplot*) visa principalmente entender as relações entre as características, os perfis de características dos genótipos e avaliar os genótipos com base em múltiplas características. Existem três estratégias principais para a avaliação de genótipos com base em múltiplas características: eliminação independente, seleção independente e seleção por índice. A estratégia recomendada é a eliminação independente seguida de seleção por índice, onde o pior genótipo para cada característica é utilizado como referência na eliminação independente, e o melhor genótipo é usado na seleção por índice. Além disso, a seleção por índice também pode ser aplicada para formular novos cruzamentos

com base nos dados GT *Biplot*, com o objetivo de desenvolver novos híbridos ou populações de melhoramento (Yan, 2014).

O modelo do *Biplot* genótipo-característica (GT biplot) (Yan, 2014) é semelhante ao GGE *Biplot*, com duas diferenças principais: o termo "ambiente" ou "localização" é substituído por "característica", e os dados devem ser escalonados para remover as unidades, enquanto no GGE *Biplot* o escalonamento é opcional. A análise de dados GT possui dois objetivos principais: compreender as relações entre características, especialmente aquelas que são alvos cruciais de melhoramento, e entender os perfis de características dos genótipos. Cada genótipo é analisado como um conjunto de atributos, sendo esse conjunto o determinante de sua utilidade e superioridade. Os dados de várias características são encontrados em ensaios de variedades, e um *Biplot* GT pode ser gerado para ensaios individuais, todos os ensaios ou grupos de ensaios, como dentro de um mega-ambiente (Yan, 2014).

No contexto do melhoramento de plantas, o GT *Biplot* se destaca pela sua capacidade de identificar genótipos que apresentam desempenho superior em relação às variáveis de interesse. Esses genótipos podem ser selecionados como genitores para programas de cruzamentos, com o objetivo de transferir características desejáveis às próximas gerações, ou mesmo recomendados como cultivares comerciais, atendendo às demandas do mercado agrícola. A análise também possibilita a detecção de correlações entre características fenotípicas, contribuindo para identificação de características redundantes ou prioritárias para a seleção indireta. Por sua flexibilidade e poder analítico, o GT *Biplot* é uma ferramenta indispensável para melhoristas que buscam eficiência e precisão na identificação de genótipos promissores (Mohammadi e Amri, 2011; Santana et al., 2021).

A análise GT *Biplot* é um método estatístico robusto, amplamente utilizado para investigar as correlações entre características, avaliar genótipos com base em múltiplas variáveis simultaneamente e identificar indivíduos que se destacam em características específicas. Essa metodologia multivariada permite visualizar e interpretar dados complexos de maneira prática e eficiente, sendo especialmente útil em programas de melhoramento genético (Yan, 2014).

Diante dessa relevância, a técnica GT *Biplot* tem sido amplamente aplicada em diferentes culturas para analisar as relações entre características e avaliar

genótipos com base em múltiplas características. Estudos demonstram sua eficiência em espécies, incluindo soja (Yan e Rajcan, 2002), feijão-comum (González et al., 2006), canola (Dehghani et al., 2008), trigo (Mohammadi e Amri, 2011, Sabaghnia e Janmohammadi, 2014), espinafre (Sabaghnia et al., 2015), feijão-caupi (Cruz et al., 2020), mamão (Santana et al., 2021a) e capim-elefante (Gravina et al., 2020).

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1 Local, delineamento e população avaliada

O experimento foi conduzido na unidade da Pesagro-Rio, utilizando 11 famílias S_1 de capim-elefante. A composição das famílias S_1 foi realizada a partir de 20 acessos ou genótipos (S_0) de capim-elefante (Tabela 1), previamente selecionados das coleções de capim-elefante da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Esses genótipos passaram por um processo de autopolinização controlada para originar a primeira geração de autopolinização (S_1). Os procedimentos de autopolinização foram realizados na Estação Experimental do Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR), pertencente à Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (Pesagro-Rio), localizada em Campos dos Goytacazes, RJ, sob convênio com a UENF.

As autopolinizações foram realizadas manualmente durante o período de floração de cada genótipo. Para garantir o isolamento das estruturas reprodutivas, os pendões maduros de cada planta foram cuidadosamente cobertos com sacos de papel kraft. Nessa etapa, os grãos de pólen foram coletados diretamente dos pendões e utilizados para polinização ou autofecundação, assegurando a pureza genética do processo. Após a coleta do pólen, o mesmo saco de papel foi utilizado para proteger as inflorescências que seriam utilizadas para produção das sementes S_1 . Essas inflorescências, previamente protegidas, foram monitoradas até que apresentassem estigmas receptivos para a polinização. Como o capim-elefante

apresenta protoginia, não foi necessário realizar a emasculação, o que simplificou o procedimento.

Tabela 1. Origem e relacionamento das 11 famílias endogâmicas (S_1) do capim-elefante.

Numeração de genótipos	população de origem	Obteve família S_1
1	Cuba-116	Família 1
2	Gigante de Pinda	Família 2
6	CAC-262	Família 3
8	903-77 ou australiano	Família 4
9	IJ 7136 cv. EMPASC 307	Família 5
10	Gramafante 01	Família 6
11	Três Rios	Família 7
12	Porto Rico	Família 8
15	Gramafante 02	Família 9
17	Taiwan A-46	Família 10
20	Napierzinho	Família 11

As sementes provenientes das autofecundações foram cuidadosamente semeadas em bandejas de germinação no dia 6 de outubro de 2021, mantidas em uma casa de vegetação localizada na Unidade de Apoio à Pesquisa (UAP) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em Campos dos Goytacazes, RJ. A casa de vegetação foi equipada com telas de polipropileno Sombrite® 50%, proporcionando um ambiente controlado e sombreado ideal para o desenvolvimento inicial das plantas. Além disso, o sistema de nebulização automática foi programado para acionar sempre que a temperatura ambiente atingisse 27°C, garantindo o controle da umidade e a otimização das condições para germinação. As plantas ficaram protegidas por 45 dias, período suficiente para o estabelecimento inicial das plântulas.

Após esse período, as plantas foram transferidas para o campo no dia 24 de novembro de 2021, onde foi dada continuidade ao desenvolvimento das plantas e à condução do experimento em condições naturais. Esse manejo inicial

cuidadoso contribuiu para uma melhor uniformidade e vigor das plantas no campo, favorecendo a execução e a precisão das avaliações experimentais subsequentes.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com três repetições, garantindo maior controle sobre a variabilidade ambiental e uma avaliação precisa das diferenças entre os genótipos. Cada parcela experimental foi composta por seis plantas, organizadas em um espaçamento de 1,5 metros entre plantas na linha e 1,5 metros entre linhas, totalizando uma área útil adequada para avaliação e desenvolvimento das plantas.

O solo foi preparado seguindo práticas convencionais, incluindo aração e gradagem, para assegurar boas condições de desenvolvimento das plantas. As mudas das famílias S_1 foram transplantadas manualmente para sulcos com 10 cm de profundidade, garantindo um adequado contato com o solo para favorecer o estabelecimento inicial.

3.1.3.2 Avaliação do experimento

Foram executados três cortes de avaliação: o primeiro corte foi efetuado no dia 15 de setembro de 2022, ou seja, 10 meses após o corte de padronização, o segundo corte no dia 3 de julho de 2023, e o terceiro corte no dia 20 de maio de 2024, permitindo a análise da produtividade e do desempenho das famílias endogâmicas avaliadas. As avaliações foram realizadas em seis plantas individuais de cada parcela, com foco em características agronômicas.

3.1.3.3 Características avaliadas

3.1.3.3.1 Produção de matéria verde (PMV)

A produção de matéria verde (PMV) é uma característica fundamental, pois se refere à pesagem da matéria verde de todas as plantas de uma touceira, cada uma proveniente de uma única semente. Para avaliar esta característica, uma amostra representativa da touceira, composta por três plantas adultas, é cuidadosamente retirada. Essas plantas são então picadas e acondicionadas em sacos de papel devidamente identificados. Após a coleta, as amostras são submetidas a um processo de secagem para determinar a porcentagem de matéria seca. Este procedimento é crucial, pois permite obter dados precisos sobre a

quantidade de biomassa verde produzida e a eficiência de conversão em matéria seca.

3.1.3.3.2 Porcentagem de Matéria Seca (%MS)

Para estimar a produção de matéria seca, foi coletada uma amostra aleatória de cada planta avaliada. O procedimento seguiu as etapas abaixo:

- ✓ As amostras foram picadas e embaladas em sacos de papel devidamente identificados;
- ✓ Em seguida, cada amostra foi pesada e colocada em uma estufa a 65°C, onde permaneceu por 72 horas para desidratação inicial;
- ✓ Após esse período, as amostras foram novamente pesadas para determinar a matéria seca ao ar;
- ✓ O material seco foi então moído em um moinho tipo Willey, utilizando uma peneira com abertura de 5 mm, e armazenado em sacos plásticos para posterior análise;
- ✓ Para determinação da matéria seca total, foram utilizadas subamostras de 2 g de material moído, mantidas em uma estufa a 105°C por 18 horas. Após esse processo, as subamostras foram pesadas novamente, possibilitando a obtenção precisa do teor de matéria seca.

A porcentagem de matéria seca foi calculada pela fórmula:

$$\%MS = \left(\frac{\text{Peso de matéria seca}}{\text{Peso fresco}} \right) * 100 \text{ (Eq. 1)}$$

3.1.3.3.3 Produção de matéria seca da planta (PMS, T-ha⁻¹)

A produção de matéria seca é obtida pelo produto da produção de matéria verde da parcela e a porcentagem de matéria seca. Os resultados obtidos foram transformados para unidade t.ha⁻¹.

$$PMS = PMV * \%MS \text{ (Eq. 2)}$$

3.1.3.3.4 Número de Perfilhos (NT)

O número total de perfilhos foi determinado pela contagem manual dos perfilhos de cada planta avaliada. Esse parâmetro é fundamental para caracterizar o vigor vegetativo e a capacidade de perfilhamento das plantas.

3.1.3.3.5 Altura da Planta (AP)

A altura das plantas, em metros (m), foi medida do solo até o ponto de inflexão da última folha completamente expandida. Essa característica reflete o porte da planta e sua adaptação ao ambiente.

3.1.3.3.6 Diâmetro do Caule (DC)

O diâmetro do caule, em milímetros (mm), foi medido utilizando um paquímetro digital, garantindo precisão. Três perfilhos foram selecionados aleatoriamente em cada planta avaliada, e as medições foram realizadas a um metro do solo. A média dessas três medidas foi registrada como o diâmetro do caule da planta.

3.1.3.4 Análises estatísticas

3.1.3.4.1 Base de dados

Para realizar as análises descritiva, correlação e GT *Biplot* foram utilizadas as médias de três cortes para cinco características: Produção de matéria seca (PMS), Porcentagem de matéria seca (%MS), Diâmetro de colmo (DC), Altura (ALT) e número de perfilhos (NP). Do total de 198 genótipos de capim-elefante de 11 famílias, foram considerados 190 genótipos, pois estes apresentaram valores em pelo menos um dos cortes.

3.1.3.4.2 Multicolinearidade

Todas as características foram avaliadas quanto à multicolinearidade. O número de condição (NC) obtido foi de 15,11 e indica que há grau de colinearidade fraco com ausência de efeitos prejudiciais para análises multivariadas. O procedimento de diagnóstico de colinearidade foi realizado com o suporte do pacote *metan* no software R.

3.1.3.4.3 Estatística descritiva

Os parâmetros obtidos na análise descritiva incluíram o valor mínimo, valor máximo, desvio-padrão e coeficiente de variação. Para visualização destes parâmetros foram utilizados gráficos *boxplot*. A análise descritiva e os gráficos foram realizados no software R com ajuda dos pacotes *pastecs* e *ggplot2*, respectivamente.

3.1.3.4.4 Coeficiente de correlação de Pearson

Os coeficientes de correlação de Pearson foram definidos entre as características usando uma matriz de correlação dos dados com o pacote *PerformanceAnalytics* no software R.

3.1.3.4.5 GT *Biplot*

As médias dos genótipos de capim-elefante foram organizadas como uma estrutura de linha x coluna para aplicar o método GT *Biplot* para visualização em gráficos *Biplot* por característica. A análise multivariada GT *Biplot* foi conduzida por decomposição de valor singular (SVD) considerando o seguinte modelo:

$$\frac{(T_{ij} + \beta_j)}{S_j} = \sum_{n=1}^2 \lambda_n \xi_{in} \eta_{jn} + \varepsilon_{ij} = \sum_{n=1}^2 \xi_{*in} \eta_{*jn} + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

T_{ij} é o valor médio do genótipo i para a característica j ;

β_j é o valor médio de todos os genótipos para a característica j ;

S_j é o desvio-padrão da característica j entre as médias dos genótipos;

λ_n é o valor do componente principal n (CP_n);

ξ_{in} e η_{jn} são as pontuações para o genótipo i e característica j no CP_n , respectivamente;

e ε_{ij} é o resíduo associado ao genótipo i na característica j . A análise GT *Biplot* foi realizada utilizando o pacote *GGE BiplotGUI* no software R.

3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com o intuito de avaliar as diferenças entre as famílias endogâmicas foi realizada análise descritiva e apresentada em boxplot (figura 1). A imagem resume a análise descritiva realizada e apresenta as cinco características relacionadas à produção de matéria seca que foram avaliadas nos genótipos das 11 famílias endogâmicas demonstrando as principais diferenças relacionadas à divergência genética. Para a produção de matéria seca (PMS), os valores variaram de 2,84 t·ha⁻¹ a 40,90 t·ha⁻¹. Na porcentagem de matéria seca (MS%), os valores oscilaram entre 14,31% e 56,51%. O diâmetro do colmo (DC) apresentou valor mínimo de 8,09 mm e máximo de 21,25 mm, enquanto a altura das plantas (ALT) variou de 2,53 a 4,50 m. O número de perfilhos (NP) apresentou uma ampla variação, com valor mínimo de 3 e máximo de 68. O boxplot permitiu visualizar a variação e dispersão dos dados em torno da média das características em cada família, além de identificar valores discrepantes (*outliers*). Esses valores discrepantes podem indicar genótipos superiores de interesse para o melhoramento de plantas quanto aos caracteres em estudo.

Os genótipos estudados da primeira geração de famílias endogâmicas do capim-elefante possuem um alto potencial quanto as suas características em comparação a cultivares comerciais como a cultivar BRS Capiaçú, que é uma forrageira de alto rendimento que pode atingir mais de 4,0 m de altura, e as

touceiras possuem uma alta densidade de perfilhos (média de 30 perfilhos m^{-2}) e potencial de produção total de matéria seca de $50 t ha^{-1} ano^{-1}$ (Pereira et al., 2021).

Um estudo inicial com as famílias endogâmicas de capim-elefante realizado por Santana et al. (2024), em um único corte, identificaram que as famílias F6 e F7 apresentavam os maiores valores médios para produção de matéria seca (PMS) e número de perfilhos (NP). Esses resultados indicam que esses materiais genéticos possuem grande potencial para o desenvolvimento de novas cultivares bioenergéticas, sendo promissores como linhagens parentais em cruzamentos para a obtenção de híbridos mais produtivos. Os resultados apresentados na Figura 1 mostram que a família F6 continua se destacando para PMS e NP, reforçando seu potencial agrônomico. Além disso, outras famílias também se sobressaíram, a família F1 com valores favoráveis para DC e ALT, a família F8 para PMS, %MS e ALT, a família F3 para diâmetro do colmo (DC) e altura da planta (ALT), e a família F11, que se destacou, apresentando valores favoráveis para todas as características avaliadas. Assim, as famílias acima citadas ampliam as possibilidades de seleção de genótipos superiores para o Programa de Melhoramento visando à produção de biomassa energética.

O parâmetro coeficiente de variação (CV) é um indicador eficiente para distinguir genótipos, pois não está relacionado a nenhuma unidade de medida, tornando-o eficiente na comparação de características, em termos de variabilidade. Os CVs encontrados foram 54,01 para PMS, 42,47 para NP, 17,06 para DC, 14,35 para %MS e 11,71 para ALT. Esses resultados indicam possibilidade de seleção em todas as características na população S_1 de capim-elefante e são justificados por serem genótipos que ainda se encontram com alta heterose. Resultados semelhantes foram observados por Santana et al. (2023) realizando estudos para estimar a diversidade genética de irmãos completos de capim-elefante onde também observaram altos valores de CV% obtidos para número de perfilhos e produção de matéria seca indicando uma ampla variabilidade, que foram distribuídos entre e dentro das famílias de irmãos completos de capim-elefante.

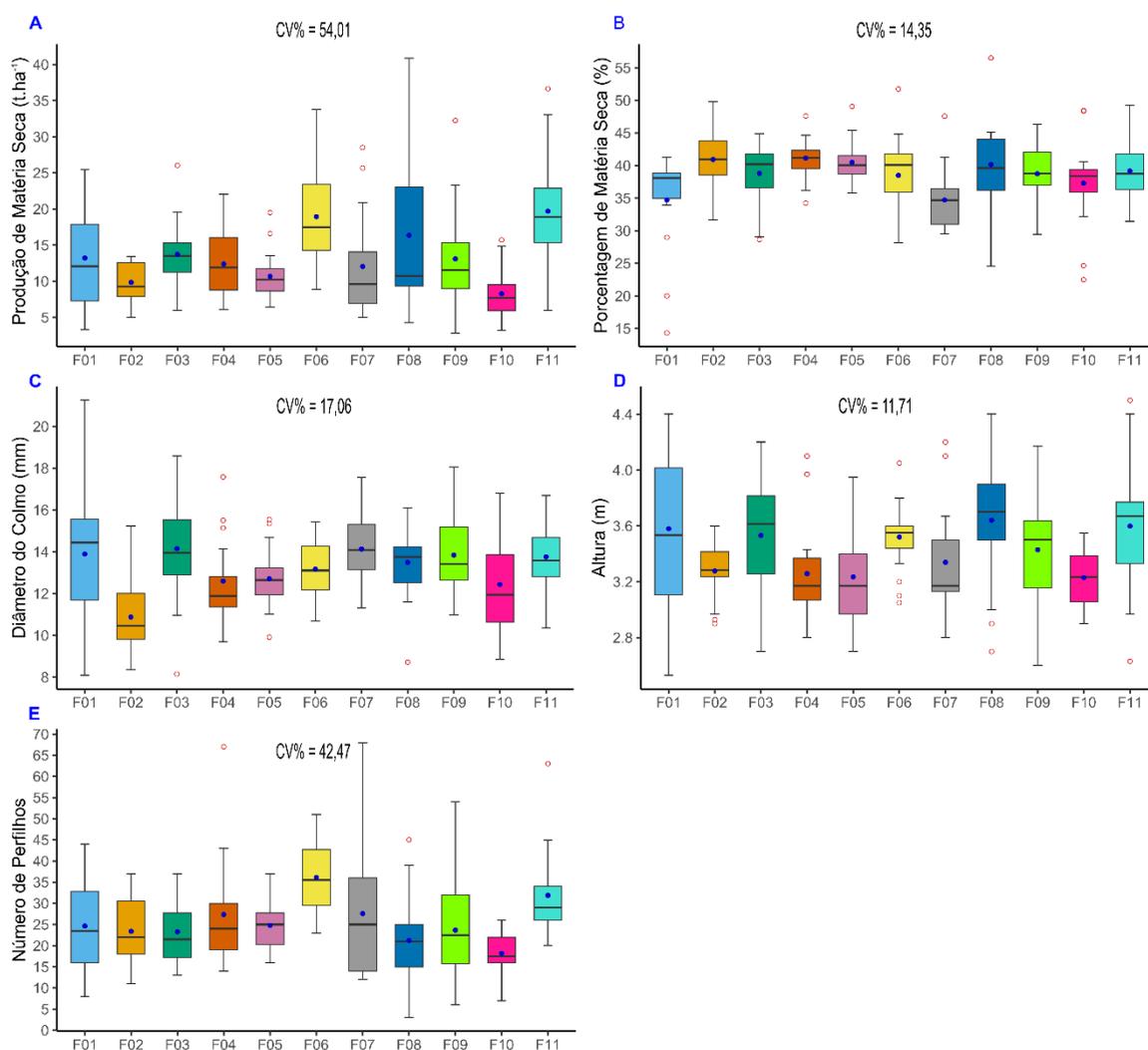


Figura 1. Boxplots mostrando valores de mediana, média, máximo, mínimo e coeficiente de variação das características: Produção de matéria seca (A), Porcentagem de matéria seca (B), Diâmetro de colmo (C), Altura da planta (D) e Número de perfilhos (E) das 11 famílias S₁ de capim-elefante (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

A análise de correlação linear entre características mensuradas nas 11 famílias endogâmicas de capim-elefante é apresentada na Figura 2, na qual verifica-se que seis dos dez coeficientes de correlação calculados foram positivos e significativos. A figura representa uma matriz de correlação entre diferentes características, mostrando coeficientes de correlação de Pearson, histograma e dispersão bivariada. Os valores numéricos representam o coeficiente de correlação (r), que varia entre -1 e 1. Valores mais próximos de 1 indicam uma forte correlação positiva, ou seja, quando uma variável aumenta, a outra também tende a aumentar (De Almeida et al., 2020). Desta forma, foi possível identificar que a maior correlação ocorreu entre PMS e NP (0,68), evidenciando uma relação forte. Já as

correlações moderadas, que variam entre 0,3 e 0,6, indicam uma associação intermediária, como observado entre PMS e ALT (0,54), DC e ALT (0,52), ALT e NP (0,33) e PMS e DC (0,30). Por outro lado, valores próximos de 0 indicam correlação fraca ou ausente, sugerindo pouca ou nenhuma relação linear. Na matriz, correlações como 0,20 (PMS e %MS) demonstram a presença de associações fracas entre estas características.

Na figura 2, esses resultados reforçam a importância em avaliar as relações entre as características agrônômicas do capim-elefante no melhoramento genético de famílias endogâmicas. Correlações altas e positivas indicam que certas características estão conectadas permitindo que a seleção de genótipos com base em uma característica impacte diretamente outra, auxiliando no processo de seleção de genótipos superiores.

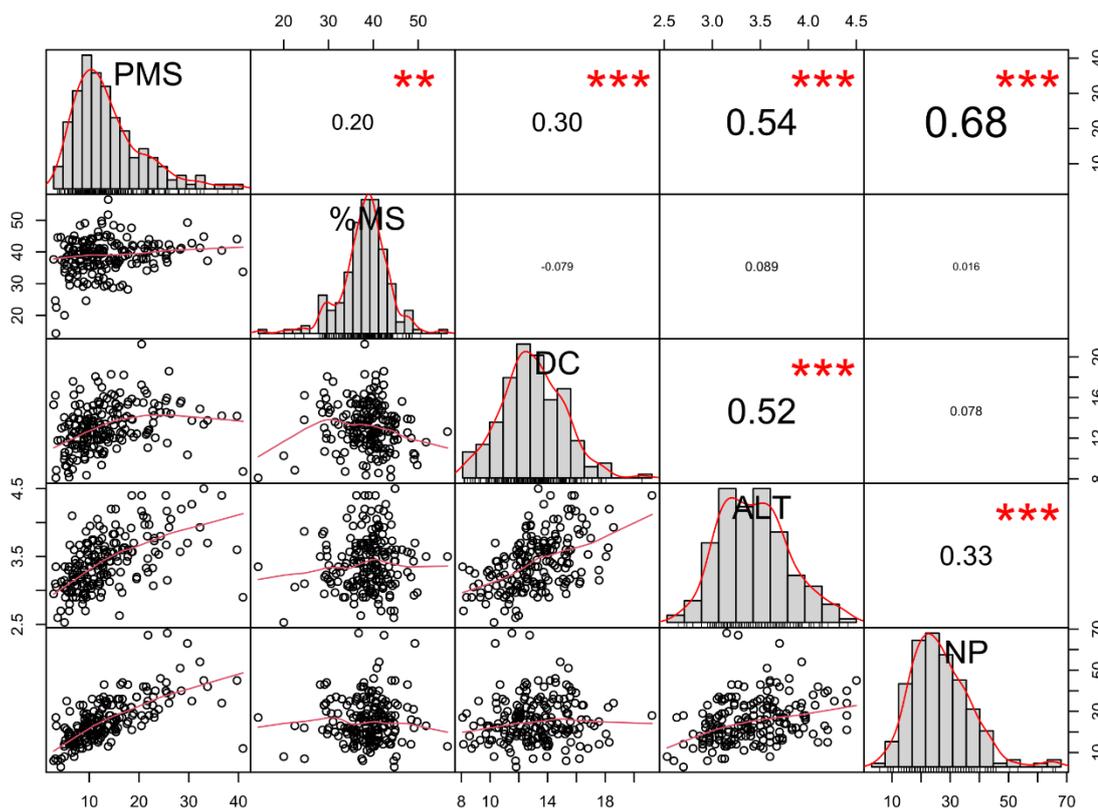


Figura 2. Coeficiente de correlação linear, histograma e dispersão bivariada de cinco características mensuradas em famílias S_1 de capim-elefante. PMS = Produção de matéria seca; MS%= porcentagem de matéria seca; DC= diâmetro do colmo; ALT= Altura; NP= número de perfilhos. **Significância do coeficiente ($p < 0,01$); ***Significância do coeficiente ($p < 0,001$); (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

No que se refere à análise GT *Biplot*, o percentual acumulado nos dois primeiros componentes (Figura 3) indica a confiabilidade para representar a variação total do desempenho dos genótipos, em conjunto com a interação entre as características. De acordo com Yang et al. (2018), ao explicar mais de 60% da variação, atinge-se um nível de confiabilidade considerado satisfatório.

Neste contexto, na Figura 3, o primeiro componente principal apresentou 45,21% de explicação e o segundo componente principal 22,54%, juntos respondem por 67,75% da variação total, indicando ampla variação dos genótipos e os efeitos da interação genótipo por característica. No estudo de Gravina et al. (2020) visando à seleção em clones de capim-elefante para produção de biomassa os dois primeiros componentes principais (PCs) na análise GT *Biplot* apresentaram um total de 70,07% mostrando variabilidade entre os genótipos de capim-elefante indicando potencial para seleção. Com alta variação encontrada pela abordagem GT *Biplot*, este estudo com genótipos de famílias endogâmicas mostra-se promissor para a seleção no melhoramento do capim-elefante com fins energéticos. A alta variabilidade é explicada na população porque mesmo sendo resultado de autofecundação os genótipos da cultura de capim-elefante apresentam uma baixa redução da heterozigose, visto que essa espécie é uma alotretaploide, conseqüentemente o processo de endogamia ocorre lentamente com a obtenção das gerações de autofecundação seguintes (Borém et al., 2017).

Os genótipos de vértice e seus genótipos relacionados, distribuídos em 11 seções separadas do *Biplot* representam os melhores ou os piores desempenhos em algumas ou todas as características avaliadas, pois apresentam uma maior distância em relação à origem do *Biplot*. O *Biplot* "quem-ganhou-onde" é um gráfico de análise de desempenho de genótipos que destaca quais genótipos se sobressaem bem ou mal em relação às características avaliadas. Essa análise visual não apenas identifica os melhores genótipos, mas também permite avaliar a característica que possui maior destaque, otimizando o processo de seleção e melhoramento genético da cultura.

Os genótipos que ocuparam os vértices do polígono formado no gráfico foram identificados e representam os genótipos mais responsivos. Assim, os seguintes genótipos são chamados genótipos de vértice: G063 (família 11), G124

(família 11), G073 (família 2), G076 (família 3), G004 (família 1), G117 (família 10) e G128 (família 1). Assim, é possível inferir que os genótipos próximos aos genótipos de vértices são prováveis fontes de alelos favoráveis, para determinadas características para as quais foram genótipos mais responsivos, e podem ser material genético potencial para o enriquecimento ou formação de novas populações (Santana et al., 2021), contrariamente aos genótipos de vértice relacionados às características G073 (família 2), G076 (família 3), G004 (família 1), e G117 (família 10) não se destacam em nenhuma das características analisadas, podendo ser descartados numa possível seleção.

Em espécies alógamas, como o capim-elefante, populações endogâmicas são raras e indesejáveis, pois a endogamia reduz a variabilidade e o vigor das plantas, o que pode comprometer tanto a produtividade quanto a capacidade de adaptação aos diversos ambientes, que limita o potencial de resposta dos genótipos a diferentes condições ambientais (Borém et al., 2017). Porém, essa primeira geração (S_1) ainda se encontra com alta variabilidade entre os genótipos, fator indispensável para garantir a continuidade do processo de obtenção de genótipos parcialmente endogâmicos para produção de híbridos de capim-elefante com fins energéticos.

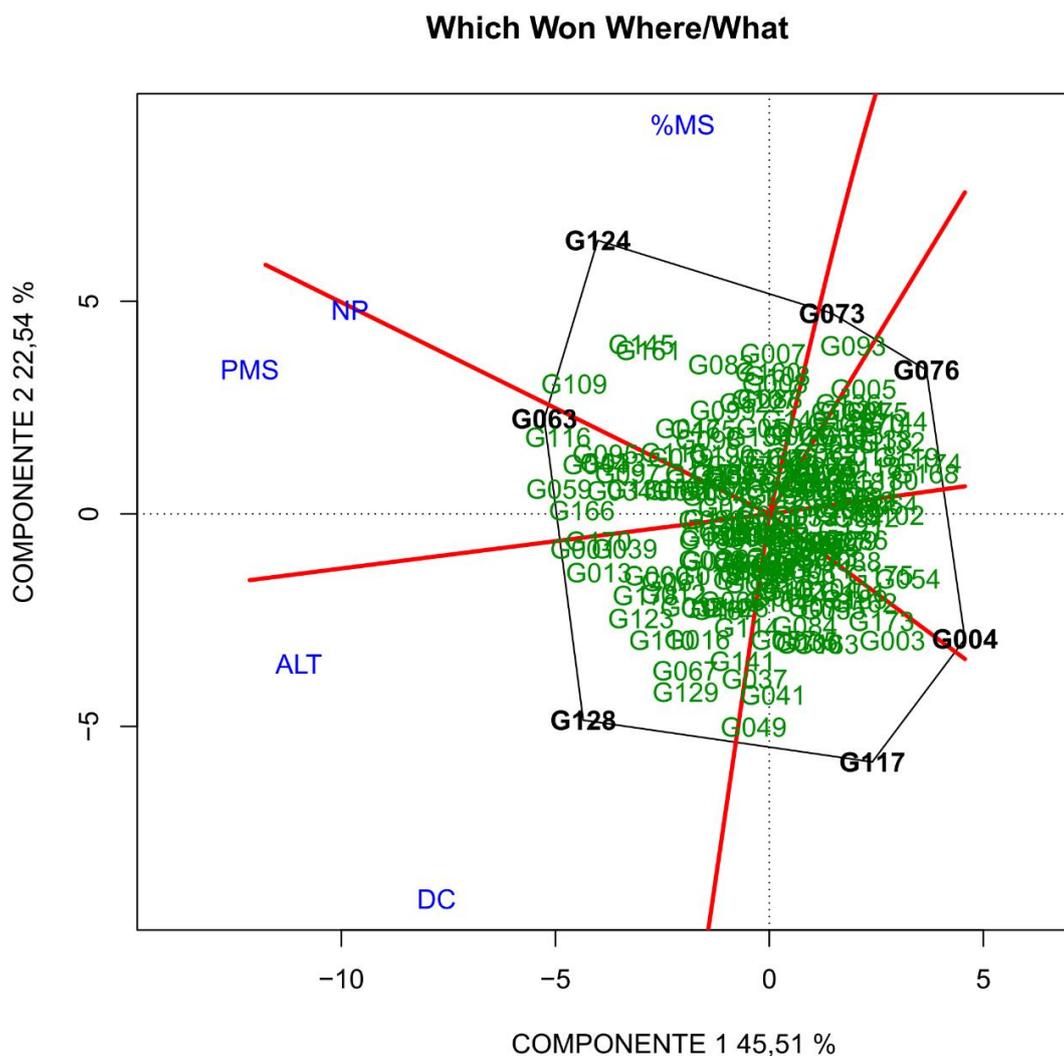


Figura 3. Biplot representando o gráfico “quem ganhou onde” em genótipos de população S₁ de capim-elefante em cinco características. PMS = Produção de matéria seca; MS%= porcentagem de matéria seca; DC= diâmetro do colmo; ALT= Altura; NP= número de perfilhos. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

Na Figura 4, a linha reta contendo uma seta recebe a denominação de “Eixo da característica média” (ECM), na qual os genótipos que ultrapassam a ponta desta seta são os que apresentaram contribuição média superior entre os materiais avaliados. O gráfico permite a visualização da média e estabilidade dos genótipos baseado em todas as características. Enquanto os vetores que partem da ECM até os genótipos indicam a estabilidade, sendo assim quanto menor a projeção do vetor do genótipo no eixo perpendicular a ECM, maior é a sua estabilidade.

Dessa forma, os genótipos mais próximos da seta e com projeções menores são aqueles que apresentam melhores médias e boa estabilidade,

destacando-se os genótipos G059 (família 11), G166 (família 7), G001 (família 1), G116 (família 9), G095 (família 6), G044 (família 8), G130 (família 1), G034 (família 7), G033 (família 6), G097 (família 6), G063 (família 11), G170 (família 8) e G039 (família 7), para as características avaliadas. Por outro lado, os genótipos G128 (família 1), G049 (família 9), G117 (família 10), G129 (família 1), G041 (família 8), G037 (família 7), G067 (família 1) e 141(família 3), foram os mais instáveis e com menores médias, sugerindo menores adaptabilidade e desempenho para as características. Já os genótipos G124 (família 11), G073 (família 2), G093 (família 5), G007 (família 2) G115 (família 9) e G161 (família 7) apresentaram boas médias, porém com instabilidade, o que indica grande variação de desempenho entre as características estudadas.

Neste contexto, observa-se que as famílias F7, F6, F1 e F11, que apresentaram um maior número de genótipos entre os mais estáveis, mas também possuem genótipos classificados entre os mais instáveis, o que demonstra a variabilidade presente nesta família. Esses resultados evidenciam que existe uma amplitude de variação dentro de família. Com a condução do processo de endogamia ao longo das gerações de autofecundação espera-se que essa variação dentro de família seja convertida em variação entre famílias, explorando todo potencial dessa população para obtenção de famílias com genótipos superiores que possam ser utilizados como genitores para cruzamentos de capim-elefante.

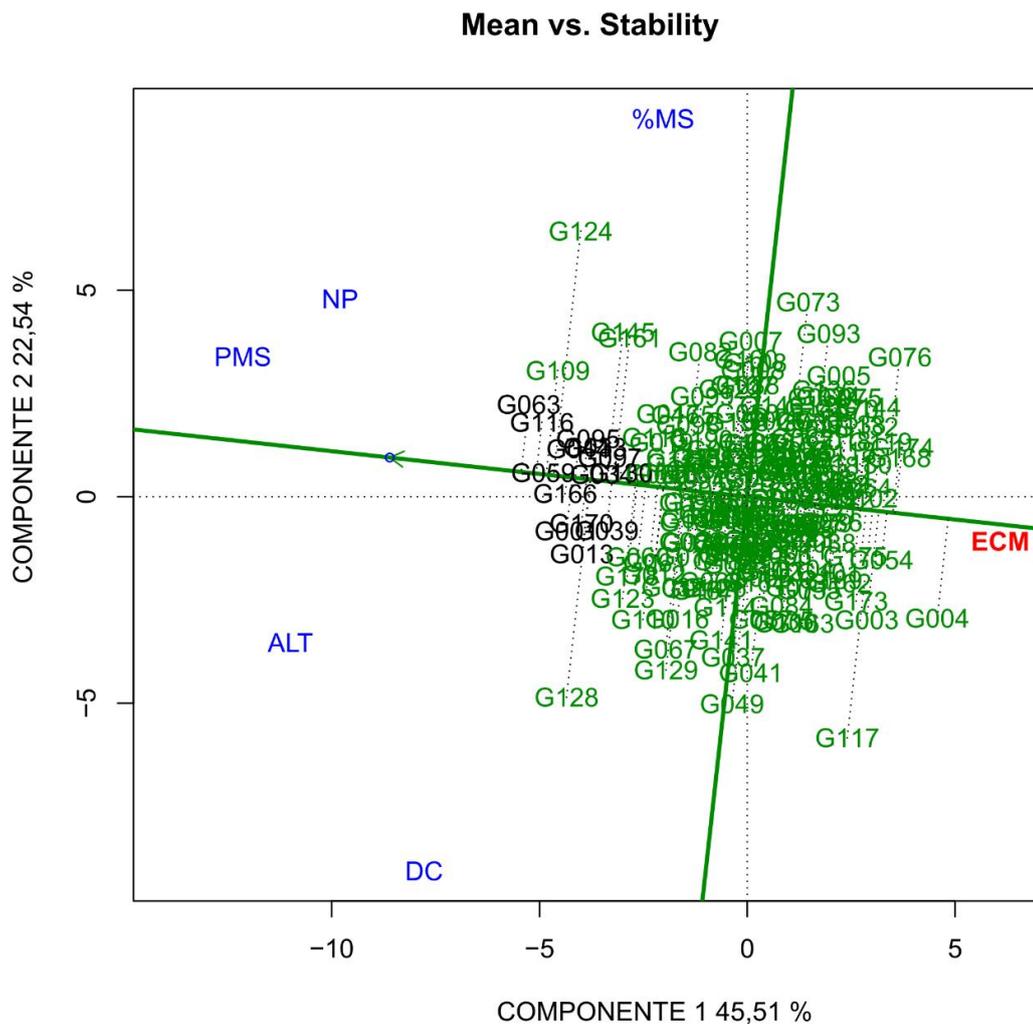


Figura 4. *Biplot* representando o gráfico “média versus estabilidade” em genótipos de população S₁ de capim-elefante em cinco características. PMS = Produção de matéria seca; MS%= porcentagem de matéria seca; DC= diâmetro do colmo; ALT= Altura; NP= número de perfilhos. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

Na figura 5 com base no comprimento dos vetores no *Biplot*, observa-se que as características de produção de matéria seca (PMS), diâmetro de colmo (DC) e altura (ALT) possuem os maiores vetores, representando maior poder discriminatório. Em contrapartida, % matéria seca (%MS) e número de perfilhos (NP) apresentaram um poder discriminatório moderado, com um vetor menor que os outros. Quando há presença de vetores curtos como resultado no GT *Biplot*, infere-se que características deste perfil de vetores curtos carrega pouca ou nenhuma informação sobre diferenças genotípicas significativas em determinadas

características (Melo et al., 2020). Conseqüentemente, em que vetores mais longos o poder discriminatório é maior, enquanto vetores mais curtos sugerem menor variação e, conseqüentemente, menor capacidade de distinção entre genótipos (Santana et al., 2021; Silveira et al., 2021).

Na figura 5 é mostrada a relação da representatividade, onde as características que formam os menores ângulos com o “Eixo da característica média que corresponde à linha que cruza o “ECM”, e a origem do *Biplot*, são mais representativas. Assim, a característica mais representativa foi produção de matéria seca (PMS) seguido do número de perfilhos (NP) e altura (ALT), o menos representativo foram diâmetro de colmo (DC) e porcentagem de matéria seca. Em estudos com capim-elefante realizados por Gravina et al. (2020), a PMS foi considerada a característica com maior poder discriminatório e representatividade assim como neste estudo, mostrando a eficiência da metodologia para a cultura.

Além disso, este gráfico fornece informações aproximadas sobre o grau de associação entre as características avaliadas, de modo que as características que formam ângulos agudos ($<90^\circ$) são positivamente correlacionadas, ângulos obtusos ($>90^\circ$) são negativamente correlacionados, ângulos retos ($= 90^\circ$) são não correlacionados e as características que formam ângulos de 180° são fortemente correlacionadas negativamente. Diante disso, PMS apresentou correlações positivas com NP e ALT, corroborando os resultados obtidos na análise de correlação apresentadas na Figura 2.

Com isso, a análise GT *Biplot* mostrou-se uma ferramenta altamente eficaz para visualizar a relação entre genótipos e suas características. Essa abordagem não apenas facilitou comparações visuais, como também revelou inter-relações importantes entre múltiplas características e genótipos, proporcionando uma visão abrangente e detalhada dos dados avaliados. No contexto do melhoramento de plantas, essas observações destacam a utilidade do GT *Biplot* como um recurso valioso para identificar genótipos superiores e compreender os padrões de associação entre características, otimizando estratégias de seleção e desenvolvimento de cultivares (Zulfiqar et al., 2021).

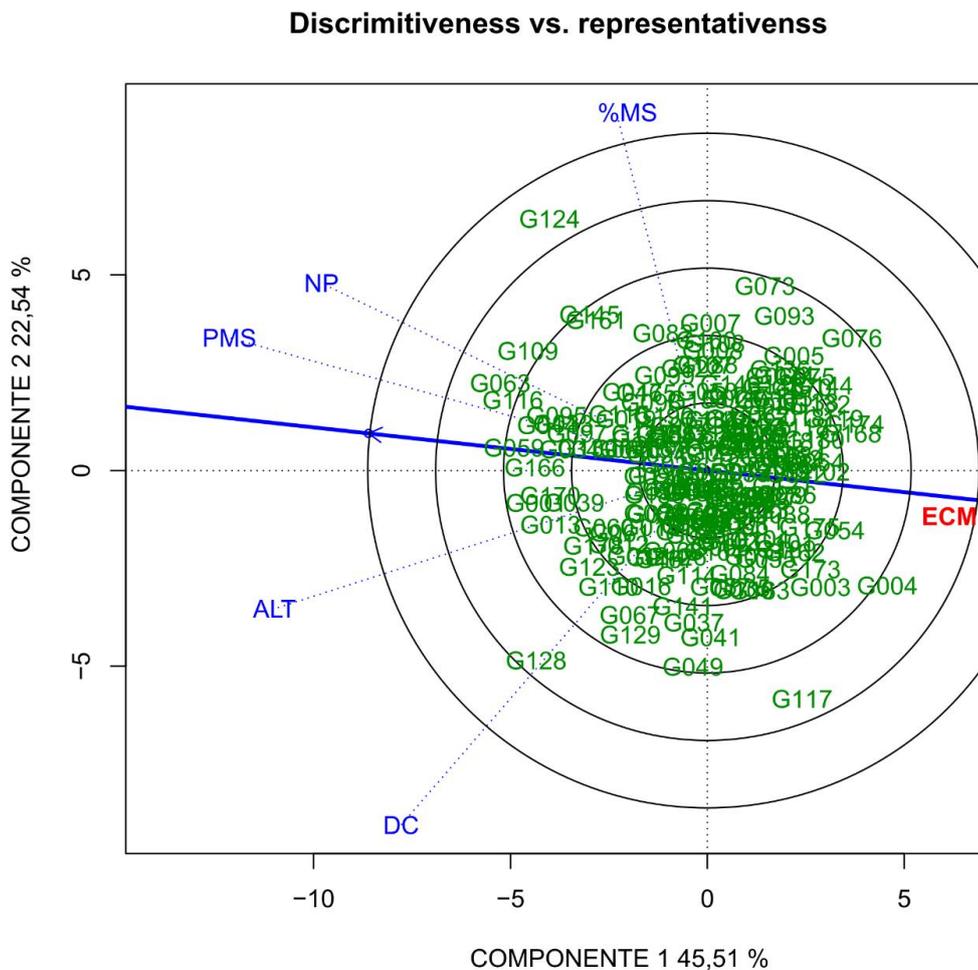


Figura 5. GT *Biplot* representando “discriminatividade vs. representatividade” de cinco características em população S_1 de capim-elefante. PMS = Produção de matéria seca; MS%= porcentagem de matéria seca; DC= diâmetro do colmo; ALT= Altura; NP= número de perfilhos. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

Na figura 6 tem-se um gráfico *Biplot* do *Ranking*, em que os genótipos estão localizados nas proximidades do centro do círculo concêntrico, indicando que possuem características desejáveis em média e estabilidade sendo considerados como os genótipos mais buscados neste conjunto de dados. Assim, os genótipos mais próximos do centro do círculo são os G059 (família 11), G166 (família 7), G001 (família 1), G116 (família 9), G095 (família 6), G044 (família 8), G130 (família 1), G034 (família 7), G033 (família 6), G097 (família 6), G063 (família 11), G170 (família 8) e G039 (família 7). Esses genótipos exibem um alto desempenho médio para algumas características, juntamente com uma alta estabilidade nas características

avaliadas, principalmente para as características de PMS, NP e ALT, pois, estão mais próximos destas características.

Na figura 6, em um contexto geral, os genótipos obtiveram uma grande variação em relação às múltiplas características, mostrando um desempenho diferente para cada uma, o que mostra grande variabilidade. A maioria dos genótipos que se apresentaram mais próximos do ideal na população endogâmica são pertencentes à família F7 e à família F6 mostrando um grande potencial desses genótipos. Os genótipos pertencentes à família F7 também se destacaram no primeiro corte de avaliação de Santana et al. (2024), mantendo o desempenho durante as três avaliações (cortes). Esse desempenho consistente reforça o potencial agrônômico desse genótipo, evidenciando suas características promissoras neste estudo com famílias endogâmicas de capim-elefante.

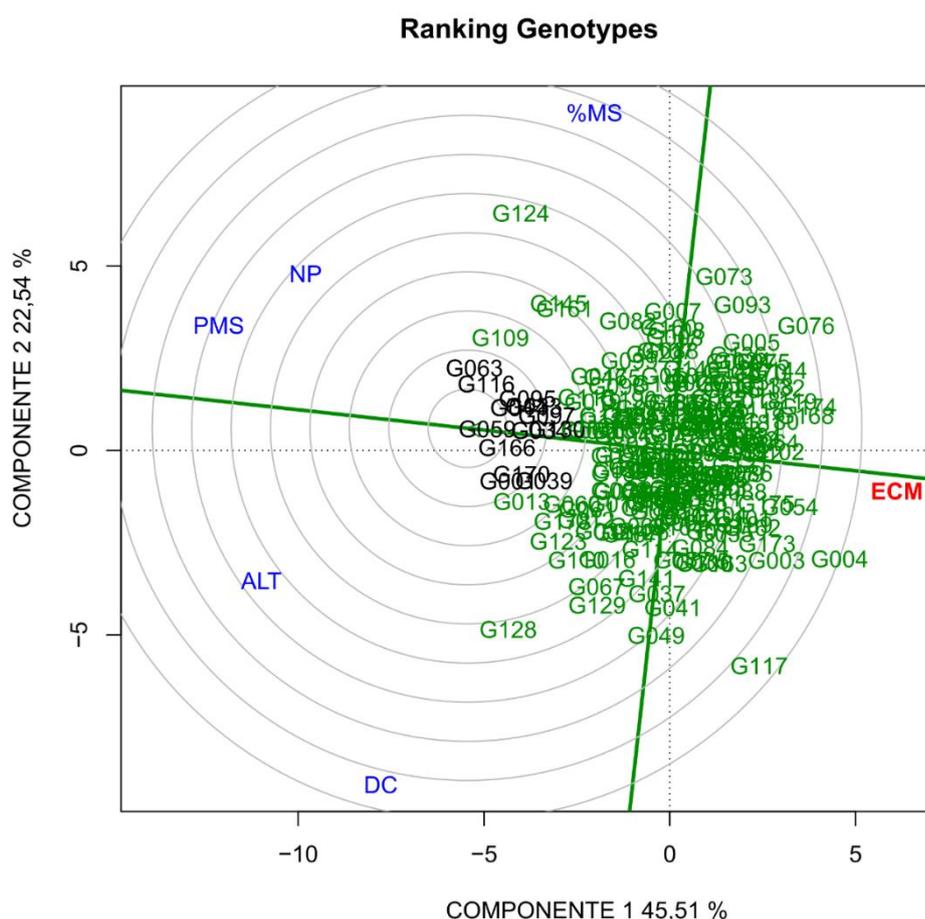


Figura 6. Biplot representando o ranking de genótipos em população S₁ de capim-elefante considerando as cinco características. PMS = Produção de matéria seca; MS%= porcentagem de matéria seca; DC= diâmetro do colmo; ALT= Altura; NP= número de perfilhos (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

As análises revelaram significativa variação genética entre os genótipos das 11 famílias endogâmicas de capim-elefante, com destaque para produção de matéria seca e número de perfilhos. A família F6 apresentou os maiores valores médios, indicando seu potencial para o melhoramento genético. Correlacionou-se positivamente PMS e NP (0,68), e a análise GT *Biplot* mostrou que dois componentes explicam 67,75% da variação total. Genótipos como G063 (família F11), G124 (família F11) e G128 (família F1) foram identificados como promissores. PMS, DC e ALT foram mais discriminatórias para diferenciar genótipos, enquanto %MS e NP tiveram menor impacto na discriminação dos mesmos com base em cinco características. A família F7 e F6 foram as famílias mais promissoras, demonstrando potencial para desenvolver novas cultivares bioenergéticas. Os genótipos G059 e G166, das famílias F11 e F7, respectivamente, são considerados os que mais se aproximam do perfil de um genótipo ideal na população S₁ de capim-elefante. Assim, demonstra-se que avaliar a diversidade presente em populações endogâmicas é imprescindível para avanços no melhoramento genético do capim-elefante com fins bioenergéticos, visando a futura produção de híbridos.

3.1.5 CONCLUSÕES

Com base nos resultados é possível concluir que houve significativa variabilidade genética entre 11 famílias endogâmicas de capim-elefante, com destaque para produção de matéria seca (PMS) e número de perfilhos (NP), correlacionadas positivamente. Enquanto, PMS, DC e ALT foram mais discriminatórias para diferenciar genótipos.

A família F7 e F6 foram consideradas as mais promissoras, com potencial para desenvolver novas cultivares bioenergéticas, com uma maior quantidade de genótipos promissores. Os genótipos G059 e G166, das famílias 11 e 7, respectivamente, são considerados os que mais se aproximam do perfil de um genótipo ideal na população S₁ de capim-elefante.

A análise GT *Biplot* mostrou de forma efetiva a diversidade dentro das famílias endogâmicas de capim-elefante, permitindo selecionar genótipos de acordo com suas características.

3.2 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM FAMÍLIAS S₁ DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS BIOENERGÉTICOS VIA MODELOS MISTOS (REML/BLUP)

3.2.1 INTRODUÇÃO

No contexto global, a energia desempenha um papel estratégico nas relações internacionais, sendo um vetor de poder e um componente essencial da soberania nacional. Desafios globais, como mudanças climáticas, conflitos por recursos energéticos e a volatilidade nos preços dos combustíveis, evidenciam a necessidade de soluções que reduzam a dependência de recursos externos, como o petróleo. Nesse cenário, as energias renováveis emergem como alternativas estratégicas e sustentáveis para mitigar os impactos das mudanças climáticas (Duarte, 2023).

Desta forma, o capim-elefante exibe características desejáveis para utilização na produção de energia renovável, pois é uma monocotiledônea e como tal, apresenta o colmo como uma parte fibrosa, mais dura, que forma a casca e uma medula com feixes vasculares, com estrutura morfológica bastante semelhante à do bagaço de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), o qual apresenta a seguinte composição: 65% de fibras e 35% de material não fibroso (Quesada et al., 2004; Marafon et al., 2016) indicando um potencial promissor como fonte renovável para a produção sustentável de energia

Diante dessas demandas, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) desenvolve um Programa de Melhoramento Genético do capim-elefante, com o objetivo de selecionar genótipos adaptados às condições edafoclimáticas da Região Norte Fluminense. Dentre as pesquisas realizadas, estão as que visam genótipos superiores para alimentação na produção animal, com qualidade como forrageira (Oliveira et al., 2013; Schneider, 2013; Silva et al., 2014; Stida et al., 2018) e para produção de energia, ou seja, pesquisas com genótipos com potencial energético (Lima et al., 2011; Barbé, 2012; Daher et al., 2014; Menezes et al., 2014; Oliveira et al., 2014; Rossi et al., 2014; Santos et al., 2014; Rocha et al., 2015; Sousa et al., 2016; Ambrósio et al., 2023; Santana et al., 2023; de Souza et al., 2023; Vidal et al., 2023), onde vem apresentando resultados promissores.

Mais recentemente, o programa iniciou o uso de famílias endogâmicas no melhoramento genético do capim-elefante. Essa prática, amplamente aplicada em espécies alógamas e parcialmente alógamas, permite maior controle genético, fixação de características desejáveis e o desenvolvimento de híbridos com alto vigor. A obtenção de linhagens endogâmicas é particularmente vantajosa para a criação de cultivares com maior estabilidade e produtividade, essenciais em sistemas agrícolas modernos e sustentáveis (Hallauer et al., 2010).

No entanto, prever o desempenho das cultivares frente às variações ambientais é um dos maiores desafios no melhoramento de plantas. A interação genótipo \times ambiente ($G \times A$) reduz a correlação entre fenótipo e genótipo, dificultando a seleção, já que o desempenho de um genótipo pode variar entre ambientes, podendo até inverter sua *performance*. Isso demanda a adoção de critérios diferenciados e métodos avançados para identificar genótipos superiores, estáveis e adaptados a múltiplos ambientes (Cruz et al., 2012; Miranda et al., 2021).

Métodos modernos, como o uso de modelos mistos, têm sido aplicados com sucesso na interpretação das interações $G \times A$ em diferentes culturas e características sob seleção (Agahi et al., 2020; Evangelista et al., 2021). A metodologia baseada em máxima verossimilhança restrita (*REML*) e predição linear não viciada (*BLUP*) fornece parâmetros adicionais, como estimativas confiáveis de componentes de variância e valores genotípicos preditos, o que aumenta a eficiência do melhoramento (Resende, 2002; Resende, 2007; Viana e Resende, 2014).

Portanto, a seleção simultânea de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos pode ser feita por meio da Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos preditos (MHPRVG), permitindo a escolha dos indivíduos com melhor desempenho e maior estabilidade em diferentes ambientes (Resende, 2002). A adaptabilidade é determinada pela média do desempenho do genótipo em cada local e sua proporção média entre os locais, conceito denominado *Performance* Relativa dos Valores Genéticos preditos (PRVG) por Resende (2002; 2004), semelhante ao método de Annicchiarico (1992). Assim, a MHPRVG se destaca como uma estratégia eficiente para selecionar genótipos com melhor resposta às variações ambientais.

Este estudo teve como objetivo verificar a adaptabilidade e a estabilidade, bem como prever ganhos genéticos e selecionar os melhores genótipos em progênes S₁ de capim-elefante para fins bioenergéticos por meio da análise de modelos mistos (*REML/BLUP*).

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1 Interação genótipo x ambiente

A interação genótipos x ambientes (G x A) reduz a correlação entre o fenótipo observado e o genótipo subjacente, indicando que um genótipo com desempenho superior em um ambiente pode não apresentar o mesmo comportamento em outro, podendo inclusive ocorrer inversão de *performance*. Essa variabilidade impõe desafios significativos ao trabalho do melhorista, pois afeta diretamente o ganho de seleção esperado. Para lidar com essa complexidade, torna-se essencial a adoção de critérios diferenciados na seleção de genótipos superiores, priorizando aqueles com alto potencial genético aliado à estabilidade e adaptabilidade em diferentes condições ambientais. Métodos alternativos e avançados de identificação são indispensáveis para garantir maior eficiência na escolha de materiais com desempenho consistente e competitivo em múltiplos ambientes (Cruz et al., 2012).

Entretanto, a análise tradicional da interação $G \times A$ é limitada, fornecendo informações incompletas e imprecisas sobre o comportamento de cada genótipo em diferentes condições ambientais. Para superar essas limitações, é fundamental realizar análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que permitem identificar genótipos com comportamento previsível e responsividade adequada às variações ambientais, seja em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2014).

Esses estudos possibilitam não apenas avaliar a magnitude das interações genótipos \times ambientes (locais) e genótipos \times cortes (anos), geralmente significativas, como também guiar a seleção de clones, considerando tanto a adaptabilidade quanto a estabilidade. Diversas metodologias têm sido desenvolvidas ou aprimoradas para essas análises, baseando-se em técnicas como análise de variância, regressão linear, regressão não-linear, análise multivariada e estatísticas não paramétricas (Bastos et al., 2007).

No entanto, a interação genótipo \times ambiente (G \times E) representa um desafio na seleção de genótipos com desempenho consistente em diferentes condições. Essa interação pode comprometer a precisão da seleção, tornando fundamental a avaliação simultânea do rendimento e da estabilidade dos genótipos em múltiplos ambientes para identificar os mais promissores (Daher et al., 2020). Entender e gerenciar a interação G \times E no capim-elefante é crucial para desenvolver genótipos que sejam produtivos e estáveis. O uso de ferramentas e métodos avançados para análises pode aumentar a precisão da seleção, contribuindo para desenvolvimento de cultivares com produção de biomassa e forragem mais eficientes e estáveis.

Nos estudos de Rocha et al. (2015), o objetivo foi estimar a interação genótipo \times ambiente e comparar métodos de estabilidade em capim-elefante para a produção de biomassa em um regime de dois cortes por ano. A característica de produção de matéria seca foi utilizada para análise da interação genótipo \times ambiente e da estabilidade. Os métodos empregados na análise de estabilidade foram os de Yates e Cochran, Plaisted e Peterson, Wricke, Annicchiarico, Lin e Binns, e Huehn, com a classificação de Kang e Phan sendo adotada para todos os métodos. Contudo, o estudo indicou que o método Lin e Binns e de Annicchiarico demonstraram maior capacidade discriminatória em comparação aos métodos baseados na análise de variância, permitindo uma avaliação mais precisa da estabilidade e produtividade dos genótipos testados.

Daher et al. (2020) avaliaram e compararam diferentes métodos de estabilidade da produção de forragem de 53 genótipos de capim-elefante, em dez cortes, realizando a análise de estabilidade pelos seguintes métodos: Yates e Cochran, Plaisted e Peterson, ecovalência Wrickie, Kang e Phan, Lin e Bins e Annicchiarico. Contudo, o método de Yates e Cochran apresentou genótipos mais estáveis, porém menos produtivos. Os genótipos mais produtivos apresentaram maior estabilidade no método de Lin e Binns, assim como no método de Annicchiarico. Esses métodos apresentam forte associação entre si e produziram classificações genotípicas semelhantes na estabilidade fenotípica, recomendando-se a utilização de ambos.

Com a interação existente entre genótipos e ambientes, é essencial selecionar e desenvolver materiais que sejam não apenas de alto rendimento, mas também adaptáveis e estáveis. Desta forma, Stida et al. (2024) analisaram o desempenho e selecionaram genótipos de capim-elefante, simultaneamente, para rendimento de matéria seca, estabilidade de desempenho e adaptabilidade. Foram avaliados 53 genótipos de capim-elefante com potencial forrageiro em quatro ambientes (épocas chuvosas e secas em dois anos) definidos de acordo com a época em que ocorreram os cortes. A adaptabilidade e a estabilidade genotípica foram avaliadas utilizando a metodologia GGE *Biplot*, que se mostrou uma ferramenta estatística eficaz para selecionar genótipos de capim-elefante com alta produtividade, estabilidade e adaptabilidade em diferentes ambientes.

3.2.2.2 Estudo de adaptabilidade e estabilidade no melhoramento genético de plantas via modelos mistos (*REML/BLUP*)

A metodologia dos modelos mistos foi inicialmente descrita por Henderson (1949) para avaliação genética de bovinos, sendo apresentada formalmente em Henderson (1973). Seu uso prático tornou-se viável a partir da década de 1980, devido aos avanços tecnológicos em computação, conforme destacado por Resende (2002). O método *REML* (*Restricted Maximum Likelihood*) é responsável por estimar os componentes de variância, a partir dos quais são estimados parâmetros genéticos necessários para predição dos valores genéticos ou genotípicos. Já o *BLUP* (*Best Linear Unbiased Prediction*) prediz os valores genotípicos através do melhor preditor linear não viesado (Rodrigues et al., 2013).

No mesmo contexto, a metodologia de modelos mistos permite considerar erros correlacionados dentro de locais, bem como a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de genótipos superiores, além disso fornece valores genéticos já descontados da instabilidade, podendo ser aplicado a qualquer número de ambientes, gerando resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado. Tal metodologia permite a interpretação direta dos resultados como valores genéticos, o que os outros métodos não permitem. Esse modelo possibilita: a seleção de genótipos específicos para cada local; a seleção de genótipos estáveis através dos locais; a seleção de genótipos responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente; e a seleção pelos três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade), simultaneamente (Rosado et al., 2012).

Portanto, a adaptabilidade é definida como a capacidade dos genótipos de aproveitar vantajosamente os estímulos do ambiente, enquanto a estabilidade refere-se à habilidade dos genótipos em expressar um comportamento altamente previsível frente às variações ambientais (Borém et al., 2021). A partir do conhecimento da interação $G \times E$, torna-se possível indicar novas cultivares com base em estudos de adaptabilidade e estabilidade, os quais têm como objetivo compreender e atenuar as respostas genotípicas às variações ambientais.

Nos estudos de adaptabilidade e estabilidade, a escolha do método de análise depende de fatores como os dados experimentais disponíveis, o número de ambientes avaliados, a precisão requerida e o tipo de informação desejada. Existem dezenas de metodologias para a análise de adaptabilidade e estabilidade, cada uma fundamentada em conceitos específicos de estabilidade e princípios estatísticos distintos (Cruz et al., 2004).

Dessa forma, tais análises configuram-se como ferramentas estatísticas essenciais para identificar cultivares com comportamento mais estável e previsível em relação às variações ambientais. A estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica tem se consolidado como uma abordagem amplamente utilizada pelos melhoristas de plantas, sendo uma etapa fundamental na avaliação de novos genótipos antes de sua recomendação como cultivares (Eberhart e Russell, 1966).

Portanto, o método MHPVG fornece a seleção simultânea de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos, podendo ser realizada por meio das médias harmônicas obtidas nos diferentes ambientes, conhecidas como Média Harmônica

da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos preditos (MHPRVG). Esse método permite a escolha dos indivíduos com base na classificação e ordenamento entre os genótipos (Resende, 2002). A adaptabilidade dos genótipos é determinada pela média geral do desempenho do genótipo em cada local e, posteriormente, pela estimativa de uma proporção média entre os diferentes locais. Esse conceito foi denominado por Resende (2002; 2004) como *Performance* Relativa dos Valores Genéticos preditos (PRVG), sendo um procedimento semelhante ao método de seleção proposto por Annicchiarico (1992).

Alguns trabalhos foram realizados utilizando a seleção simultânea de estabilidade e adaptabilidade por meio da MHPRVG. Pode-se citar o trabalho de Moreto et al. (2023) com mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), que estudaram modelos mistos, avaliando o desempenho de genótipos desta espécie no estado de Santa Catarina. Os autores avaliaram a produtividade de raízes por local e na média de todos os locais, a estabilidade (MHVG), a adaptabilidade (PRVG) e a estabilidade e a adaptabilidade simultaneamente pelo método MHPRVG. Os autores supracitados obtiveram, assim, destaques entre os genótipos avaliados, sendo considerados promissores para o cultivo em Santa Catarina, mostrando que a metodologia de modelos mistos é uma boa opção para avaliação do desempenho de genótipos de mandioca em fases avançadas de seleção.

Em estudos com soja, Rosa et al. (2023), avaliando a adaptabilidade e a estabilidade de linhagens irmãs de soja em diferentes ambientes, utilizaram modelos mistos, GGE *Biplot* e AMMI. A análise foi realizada por meio do modelo misto *REML/BLUP*, empregando o método MHPRVG, além dos métodos de Eberhart e Russell, AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) e GGE *Biplot* (*Genotype and Genotypes by Environments Interaction*). O método MHPRVG demonstrou alta eficiência, pois as estimativas positivas dos efeitos genotípicos e da interação genótipo x ambiente indicaram linhagens superiores. Todos os métodos empregados identificaram a superioridade de uma das linhagens, porém o MHPRVG se destacou por sua interpretação simples, uma vez que utiliza apenas uma estatística para classificar os genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade, sem a avaliação dos ambientes.

Avaliando a interação entre genótipos de berinjela e ambientes utilizando o procedimento *REML/BLUP* com a finalidade de identificar genótipos com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica Silva et al. (2022)

conduziram o experimento em estufas agrícolas, em duas épocas, com três tipos de sombreamento com 12 genótipos de berinjela, com os seguintes caracteres: índice de pegamento de fruto, número de frutos por planta, produção média de frutos por planta e viabilidade polínica *in vitro*. Avaliaram a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos com as análises estatísticas e a estimação dos parâmetros genéticos baseadas em modelos mistos do tipo *REML/BLUP*. Resultando em concordância entre os três métodos: *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (PRVG), Média Harmônica dos Valores Genotípicos (MHVG) e Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) para os caracteres produção média de frutos por planta, número de frutos por planta e viabilidade polínica *in vitro*, evidenciando o alto grau de concordância no ordenamento dos materiais. A partir disto, foi possível indicar genótipos com o melhor desempenho produtivo.

A metodologia de modelo misto é uma alternativa para selecionar genótipos para características altamente influenciadas pelo ambiente. Além disso, este método permite estimar o coeficiente de repetibilidade e prever o número de avaliações necessárias para um processo de seleção para aumentar a confiabilidade. Nos estudos de Vidal et al. (2023b) foi possível determinar um número mínimo de avaliações necessárias para um processo de seleção confiável, além de estimar os componentes de variância utilizados para prever ganhos genéticos entre e dentro de famílias de meio-irmãos de capim-elefante usando a metodologia de modelo misto. Os autores identificaram e selecionaram 16 genótipos de acordo com o potencial produtivo, efetivando a utilização de modelos mistos em capim-elefante para produção de bioenergia.

Em outro trabalho com a cultura, Ambrósio et al. (2023b) em busca de genótipos com alto potencial de produtividade e adaptabilidade em vários ambientes de cultivo utilizaram os modelos mistos (*REML/BLUP*) para avaliar a estabilidade e a adaptabilidade de genótipos de capim-elefante para produção de biomassa energética. As análises de estabilidade e adaptabilidade foram obtidas por meio da média harmônica dos valores genotípicos (HMGV), permitindo a identificação de 9 genótipos estáveis e altamente produtivos, que apresentaram desempenho excepcional em termos de HMGV, com grande potencial de uso em futuros programas de melhoramento de capim-elefante para produção de biomassa.

Dessa forma, a seleção simultânea de estabilidade e adaptabilidade por meio da MHPRVG se mostra uma abordagem eficiente, pois considera a interação dos genótipos com os diferentes ambientes, permitindo a escolha daqueles que apresentam desempenho superior e mais estável ao longo das condições avaliadas.

3.2.2.3 Uso do capim-elefante como fonte de bioenergia

A energia desempenha um papel fundamental nas relações internacionais, destaca-se como um vetor de poder e um componente fundamental da soberania nacional. Questões globais, tais como as mudanças climáticas, os conflitos energéticos e a volatilidade nos preços dos combustíveis, evidenciam o impacto significativo que o cenário internacional exerce sobre as políticas energéticas domésticas. Nesse contexto, as energias renováveis surgem como uma alternativa estratégica para reduzir a dependência de recursos externos, como o petróleo e o gás natural, aumentando a segurança energética e promovendo maior estabilidade econômica. Além disso, essas fontes sustentáveis desempenham um papel essencial na mitigação das mudanças climáticas, contribuindo para a redução das emissões de gases do efeito estufa e para o cumprimento de metas ambientais globais. Dessa forma, a transição energética não apenas redefine a matriz energética mundial, mas também fortalece a autonomia dos países e impulsiona a inovação tecnológica no setor (Duarte, 2023).

De acordo com o Balanço Energético Nacional (2024), quase metade da matriz energética brasileira provém de fontes renováveis, o que contribui para emissões significativamente menores de gases do efeito estufa quando comparadas às grandes economias globais, como Estados Unidos, União Europeia e China. Dentre as fontes renováveis em destaque estão a biomassa, com um aumento de 5,9% na produção de etanol em 2019, e a energia eólica, que registrou um crescimento de 15,5% na produção de eletricidade entre 2018 e 2019 (Teixeira e Silva, 2021). Com esse contexto, o Brasil apresenta um vasto potencial para exploração de outras fontes de energia renovável, dado seu território diverso e rico em recursos naturais.

Dentre as fontes de bioenergia alternativas têm-se as microalgas com a qual é possível produzir biodiesel, bioetanol, metano e hidrogênio. Elas também podem ser utilizadas em células de combustível microbianas para gerar eletricidade

e capturar CO₂, contribuindo para a mitigação das emissões de gases do efeito estufa. Outra opção são os resíduos agrícolas, fonte significativa de biomassa para a produção de bioenergia. Esses resíduos podem ser convertidos em bioenergia através de processos como digestão anaeróbica e tratamento de resíduos, ajudando a reduzir as emissões de gases do efeito estufa e promovendo uma economia circular (Baicha et al., 2016).

Tem-se ainda, o óleo de palma e seus resíduos, considerados uma alternativa viável para a produção de bioenergia, especialmente biodiesel. A Malásia, um dos maiores produtores de óleo de palma, tem explorado essa fonte para reduzir o impacto ambiental e promover o uso de energias renováveis (Srivastava et al., 2021). Além disso, têm-se as culturas energéticas, que são plantas cultivadas especificamente para a produção de energia. Exemplos incluem a cana-de-açúcar, o milho e outras gramíneas que podem ser convertidas em biocombustíveis como o bioetanol e o biodiesel. Com isso, a pesquisa em bioenergia continua a evoluir, com foco em aumentar a eficiência, reduzir custos e integrar tecnologias para criar soluções energéticas sustentáveis e economicamente viáveis (Mahlia et al., 2019).

Para completar a demanda energética, a biomassa de várias plantas estão sendo testadas como matéria-prima para a produção de energia renovável, dentre estas, a utilização da biomassa proveniente do capim-elefante, que é uma gramínea que vem adquirindo importância neste quadro estratégico e tem constituído uma importante fonte de estudos para fins energéticos (Tavares e Santos, 2013).

O capim-elefante apresenta alta produtividade de biomassa, com rendimentos que podem chegar a 43 Mg ha⁻¹ de massa seca em condições tropicais, especialmente quando da adubação com 100 kg ha⁻¹ de nitrogênio, que otimiza o uso de nutrientes e reporta em maior produção de biomassa (Bueno et al., 2020). Genótipos específicos, como o BRS Capiáçu, demonstram alta produtividade de massa seca e valores energéticos comparáveis à madeira nativa da Amazônia. O capim-elefante possui um alto valor calorífico, com poder calorífico superior variando entre 17,196 kJ kg⁻¹ (4,110 kcal kg⁻¹) e 18,918 kJ kg⁻¹ (4,522 kcal kg⁻¹) de massa seca, tornando-o adequado para uso como recurso energético. A densificação em forma de briquetes ou pellets melhora suas características energéticas e facilita o processo de conversão (Beber et al., 2024).

Neste contexto o capim-elefante destaca-se como uma opção proeminente devido à sua natureza forrageira perene. Sua capacidade de produção contínua de matéria seca revela um potencial notável, especialmente quando se consideram suas características vantajosas para a geração de energia renovável. O colmo do capim-elefante, composto por uma parte fibrosa mais rígida, forma uma casca que abriga uma medula contendo feixes vasculares. Essa estrutura morfológica assemelha-se de maneira significativa à do bagaço de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). Essas semelhanças sugerem que o capim-elefante pode ser uma fonte valiosa para a produção sustentável de energia, oferecendo uma alternativa promissora e renovável (Marafon et al., 2016).

Diversas tecnologias são utilizadas na conversão da biomassa em energia, entre as quais se destacam, primariamente, a combustão e a gaseificação. A combustão direta de biomassa é uma das formas mais comuns de geração de energia térmica. A gaseificação, por outro lado, converte biomassa em gás de síntese, que pode ser utilizado para gerar eletricidade ou como matéria-prima para a produção de combustíveis líquidos. Adicionalmente, destaca-se a digestão anaeróbica, processo biológico responsável pela conversão de matéria orgânica em biogás (composto principalmente por metano e dióxido de carbono), configurando-se como uma solução eficiente para o tratamento de resíduos orgânicos e a produção de energia renovável (He, 2024). E por último, a Pirólise e Liquefação Hidrotérmica, a pirólise rápida e a liquefação hidrotérmica são processos que convertem biomassa em bio-óleo, que pode ser refinado em combustíveis líquidos. Esses métodos são promissores para a produção de biocombustíveis avançados (McKendry, 2002).

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Local, delineamento e população avaliada

O experimento foi conduzido na unidade da Pesagro-Rio, utilizando 11 famílias S_1 de capim-elefante (*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone). A composição das famílias S_1 foi realizada a partir de 20 acessos ou genótipos (S_0) de capim-elefante (Tabela 1), previamente selecionados das coleções de capim-

elefante da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Esses genótipos passaram por um processo de autopolinização controlada para originar a primeira geração de autopolinização (S_1). Os procedimentos de autopolinização foram realizados na Estação Experimental do Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR), pertencente à Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (Pesagro-Rio), localizada em Campos dos Goytacazes, RJ, sob convênio com a UENF.

Tabela 1. Origem e relação das 11 famílias endogâmicas (S_1) do capim-elefante.

Numeração de genótipos	População de origem	Obteve família S_1
1	Cuba-116	Família 1
2	Gigante de Pinda	Família 2
6	CAC-262	Família 3
8	903-77 ou australiano	Família 4
9	IJ 7136 cv. EMPASC 307	Família 5
10	Gramafante 01	Família 6
11	Três Rios	Família 7
12	Porto Rico	Família 8
15	Gramafante 02	Família 9
17	Taiwan A-46	Família 10
20	Napierzinho	Família 11

As autopolinizações foram realizadas manualmente durante o período de floração de cada genótipo. Para garantir o isolamento das estruturas reprodutivas, os pendões maduros de cada planta foram cuidadosamente cobertos com sacos de papel kraft. Nessa etapa, os grãos de pólen foram coletados diretamente dos pendões e utilizados para polinização de flores de uma mesma planta ou autofecundação, assegurando a pureza genética do processo. Após a coleta do pólen, o mesmo saco de papel foi utilizado para proteger as inflorescências que seriam utilizadas para produção das sementes S_1 . Essas inflorescências, previamente protegidas, foram monitoradas até que apresentassem estigmas

receptivos para a polinização. Como o capim-elefante apresenta protoginia, não foi necessário realizar a emasculação, o que simplificou o procedimento.

As sementes provenientes das autofecundações foram cuidadosamente semeadas em bandejas de germinação, mantidas em uma casa de vegetação localizada na Unidade de Apoio à Pesquisa (UAP) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em Campos dos Goytacazes, RJ. A casa de vegetação foi equipada com telas de polipropileno Sombrite® 50%, proporcionando um ambiente controlado e sombreado ideal para o desenvolvimento inicial das plantas. Além disso, o sistema de nebulização automática foi programado para acionar sempre que a temperatura ambiente atingisse 27°C, garantindo o controle da umidade e a otimização das condições para germinação. As plantas ficaram protegidas por 45 dias, período suficiente para o estabelecimento inicial das plântulas.

Após esse período, os exemplares foram transferidos para o campo, onde o desenvolvimento vegetal e a condução do experimento prosseguiram em condições naturais. Esse manejo inicial cuidadoso contribuiu para uma melhor uniformidade e vigor das plantas no campo, favorecendo a execução e a precisão das avaliações experimentais subsequentes.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com três repetições, garantindo maior controle sobre a variabilidade ambiental e uma avaliação precisa das diferenças entre os genótipos. Cada parcela experimental foi composta por seis plantas, organizadas em um espaçamento de 1,5 metros entre plantas na linha e 1,5 metros entre linhas, totalizando uma área útil adequada para avaliação do desempenho dos materiais genéticos.

O solo foi preparado seguindo práticas convencionais, incluindo aração e gradagem, para assegurar boas condições de desenvolvimento das plantas. As mudas das famílias S₁ foram transplantadas manualmente para sulcos com 10 cm de profundidade, garantindo um adequado contato com o solo para favorecer o estabelecimento inicial.

3.2.3.2 Avaliação do experimento

Foram executados três cortes de avaliação: o primeiro corte foi efetuado no dia 15 de setembro de 2022, ou seja, 10 meses após o corte de padronização, o

segundo corte no dia 3 de julho de 2023, e o terceiro corte no dia 20 de maio de 2024, permitindo a análise da produtividade e do desempenho das famílias endogâmicas avaliadas. As avaliações foram realizadas em seis plantas individuais de cada parcela, com foco em características agronômicas.

3.2.3.3 Características avaliadas

3.2.3.3.1 Produção de matéria verde (PMV)

A produção de matéria verde (PMV) é uma característica fundamental que se refere à pesagem da matéria verde de todas as plantas de uma touceira, cada uma proveniente de uma única semente. Para avaliar esta característica, uma amostra representativa da touceira, composta por três plantas adultas, é cuidadosamente retirada. Essas plantas são então picadas e acondicionadas em sacos de papel devidamente identificados. Após a coleta, as amostras são submetidas a um processo de secagem para determinar a porcentagem de matéria seca. Este procedimento é crucial, pois permite obter dados precisos sobre a quantidade de biomassa verde produzida e a eficiência de conversão em matéria seca.

3.2.3.3.2 Porcentagem de Matéria Seca (%MS)

Para estimar a produção de matéria seca, foi coletada uma amostra aleatória de cada planta avaliada. O procedimento seguiu as etapas abaixo:

- ✓ As amostras foram picadas e embaladas em sacos de papel devidamente identificados;
- ✓ Em seguida, cada amostra foi pesada e colocada em uma estufa a 65°C, onde permaneceu por 72 horas para desidratação inicial;
- ✓ Após esse período, as amostras foram novamente pesadas para determinar a matéria seca ao ar;
- ✓ O material seco foi então moído em um moinho tipo Willey, utilizando uma peneira com abertura de 5 mm, e armazenado em sacos plásticos para posterior análise;
- ✓ Para determinação da matéria seca total, foram utilizadas subamostras de 2 g de material moído, mantidas em uma estufa a 105°C por 18 horas. Após

esse processo, as subamostras foram pesadas novamente, possibilitando a obtenção precisa do teor de matéria seca.

A porcentagem de matéria seca foi calculada pela fórmula:

$$\%MS = \left(\frac{\text{Peso de matéria seca}}{\text{Peso fresco}} \right) * 100 \text{ (Eq. 1)}$$

3.2.3.3.3 Produção de matéria seca da planta (PMS, T-ha⁻¹)

A produção de matéria seca é obtida pelo produto da produção de matéria verde da parcela e a porcentagem de matéria seca. Os resultados obtidos foram transformados para unidade t.ha⁻¹.

$$PMS = PMV * \%MS \text{ (Eq. 2)}$$

3.2.3.3.4 Número de Perfilhos (NP)

O número total de perfilhos foi determinado pela contagem manual dos perfilhos de cada planta avaliada. Esse parâmetro é fundamental para caracterizar o vigor vegetativo e a capacidade de perfilhamento das plantas.

3.2.3.3.5 Altura da Planta (AP)

A altura das plantas foi medida, em metros, do solo até o ponto de inflexão da última folha completamente expandida. Essa característica reflete o porte da planta e sua adaptação ao ambiente.

3.2.3.3.6 Diâmetro do Caule (DC)

O diâmetro do caule foi medido, em mm, utilizando um paquímetro digital, garantindo precisão. Três perfilhos foram selecionados aleatoriamente em cada planta avaliada, e as medições foram realizadas a 1 metro do solo. A média dessas três medidas foi registrada como o diâmetro do caule da planta.

3.2.3.4 Análises estatísticas

Foi realizada a análise de deviance, a estimação dos parâmetros genéticos e predição dos ganhos, bem como a análise da adaptabilidade e da estabilidade dos genótipos. De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014) a análise de deviance foi obtida da seguinte forma:

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

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

Onde:

$\ln(L)$ é o ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML);

y é o vetor da variável analisada;

m é o vetor dos efeitos das observações, assumido fixo;

X é a matriz de incidência dos efeitos fixos;

V é a matriz de variância-covariância de y .

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

$$LRT = -2\ln(L_{se}) + 2\ln(L_{fm})$$

Onde:

L_{se} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos);

L_{fm} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

As variáveis foram analisadas pelo software *SELEGEN REML/BLUP* (Resende, 2002; Resende, 2007) que foi utilizado para obter os componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (*REML*) e os valores genotípicos individuais por meio do melhor preditor linear não-viesado (*BLUP*).

Para a abordagem *REML/BLUP*, bem como para a adaptabilidade e estabilidade foi utilizado o modelo 62 do programa computacional *SELEGEN - REML/BLUP*, em que avaliaram um local e várias colheitas/corte (Resende, 2002).

A predição dos valores genéticos foi realizada utilizando a abordagem dos modelos mistos, sendo adotado um modelo de acordo com a equação descrita abaixo:

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

Em que:

y é o vetor de dados;

m é o vetor dos efeitos das combinações medição repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios);

i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições (aleatórios);

s é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios);

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

X é a matriz de incidência dos efeitos fixos;

Z é a matriz de incidência dos efeitos genéticos individuais;

W é a matriz de incidência dos efeitos de parcela;

Q é a matriz de incidência dos efeitos da interação genótipos x medições;

T é a matriz de incidência dos efeitos permanentes.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta, simultaneamente, para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições.

As equações de modelo misto foram dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'Q & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'Q & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'Q & W'T \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q + I\lambda_3 & Q'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'Q & T'T + I\lambda_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \\ \hat{i} \\ \hat{s} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \\ T'y \end{bmatrix}$$

Onde:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ herdabilidade individual;}$$

$$p = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;}$$

$i = \frac{\sigma_i^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}$, coeficiente de determinação dos efeitos de interação de genótipo x medição;

$s = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}$, coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

e

A: matriz de coeficiente de parentesco aditiva entre os indivíduos.

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

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

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

Onde:

V_g é a variância genética entre as plantas;

V_{perm} é a variância dos efeitos permanentes;

V_f é a variância fenotípica.

Os demais parâmetros foram estimados como herdabilidade no sentido amplo em nível individual (h^2_g), ou seja, dos efeitos genotípicos; coeficiente de determinação dos efeitos permanentes (c^2_{perm}); coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x colheitas (c^2_{gm}); a determinação genética (R_2) e a acurácia seletiva após várias medições.

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

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

Onde:

n representa o número de ambientes ou colheitas/cortes ($n=3$ colheitas/cortes);

i é o genótipo avaliado, e Vg_{ij} é o valor genotípico i no ambiente j .

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

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

Sendo M_j a média da variável analisada (produção de matéria seca, % matéria seca, número de perfilhos, diâmetro do colmo e altura de planta), no ambiente j .

Pelo método MHPRVG (média harmônica dos valores genéticos preditos) foi realizada a seleção dos melhores indivíduos dentro de cada progênie que se destacaram, baseada em três aspectos: seleção baseada no valor genético predito, considerando o desempenho médio em todas as safras (sem efeito de interação); seleção baseada no valor genético predito, considerando o desempenho médio em cada safra (com efeito da interação média) e sem efeito da interação; seleção simultânea quanto a produção, estabilidade (MHVG) e adaptabilidade (PRVG).

Esta seleção conjunta foi dada por:

$$HMRPGV = \frac{n / (\sum_{j=1}^n x 1)}{Vg_{ij}}$$

Onde:

n representa o número de ambientes ou colheitas/cortes ($n = 3$);

Vg_{ij} é o valor do genótipo i no ambiente j expresso como uma proporção da média nesse ambiente.

O software *SELEGEN* foi utilizado para a abordagem *REML/BLUP* e para adaptabilidade e estabilidade (Resende, 2016). Os indivíduos foram ranqueados de acordo com os valores genotípicos encontrados. A partir destes valores foi aplicada a seleção das melhores genótipos e famílias para cada característica nos três cortes de avaliação.

3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com a análise de deviance, foi possível observar que, para as características PMS (Produção de Matéria Seca), DC (Diâmetro da Colmo), ALT (Altura da Planta) e NP (Número de Perfilhos), os efeitos dos genótipos foram significativos ao nível de 5% de probabilidade ($p < 0,05$) (Tabela 2). Isso indica a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, um fator essencial para o sucesso do melhoramento genético.

A presença dessa variabilidade sugere que há potencial para ganhos genéticos por meio da seleção de indivíduos superiores, possibilitando o desenvolvimento de cultivares com desempenho agrônômico superior. Além disso, a significância dos efeitos genotípicos reforça a importância do uso de estratégias de seleção adequadas para maximizar o progresso genético nessas características de interesse. Na tabela 2 as variáveis PMS, %MS e NP tiveram diferença significativa de 5% para efeito de parcela, mostrando que há variabilidade genética significativa dentro da parcela, justificando a seleção de indivíduos dentro das famílias avaliadas. Esses resultados mostram o potencial para o sucesso na seleção tanto entre como dentro das famílias endogâmicas S_1 avaliadas de capim-elefante.

A interação entre genótipos e medições foi significativa apenas para o diâmetro de colmo (DC), indicando variação nessa característica ao longo das avaliações. Esse resultado pode ser atribuído aos efeitos ambientais, que influenciaram a interação genótipo x medição, tornando-a significativa. Por outro lado, as características de produção de matéria seca (PMS), porcentagem de matéria seca (%MS), altura (ALT), e número de perfilhos (NP), não apresentaram diferenças significativas entre as medições, demonstrando estabilidade ao longo dos cortes. Essa constância facilita a seleção, pois há uma maior coincidência entre os melhores genótipos nas diferentes avaliações, contribuindo para a escolha dos genótipos mais previsíveis e consistentes ao longo dos cortes (Tabela 2).

Tabela 2. Análise de Deviance para 198 genótipos de famílias endogâmicas (S₁) de capim-elefante avaliados em três safras (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

Efeito	PMS		%MS		DC		ALT		NP	
	Dev	LRT								
Genótipo	2378,63	4,82*	2297,49	2,46 ^{ns}	1499,12	4,52*	-297,20	9,2*	2970,41	3,9*
Parcela	2377,73	3,92*	2300,25	5,96*	1495,74	1,14 ^{ns}	-306,34	0,06 ^{ns}	2970,76	4,25*
Genótipo x Medição	2373,87	0,08 ^{ns}	2295,30	0,27 ^{ns}	1514,03	19**	-304,22	2,18 ^{ns}	2969,23	2,72 ^{ns}
Ambiente permanente	2471,53	97,72**	2326,58	31,55**	1516,79	22,19**	-259,01	47,39**	3049,40	82,89**
Modelo completo	2373,81		2295,03		1494,60		-306,40		2966,51	

* significativo a 5% (3,84) ** significativo a 1% (6,63) e ^{ns}= não significativo.

A variância fenotípica foi decomposta em seus componentes: variância genética aditiva, variância ambiental entre parcelas, variância dos efeitos permanentes e variância residual temporária. Verificou-se que a contribuição da variância genética foi baixa para todas as características analisadas, PMS (8,598), %MS (2,03), DC (0,77), AP (0,03) e NP (10,47) indicando um predomínio dos efeitos ambientais na expressão fenotípica, esse resultado sugere que a influência do ambiente desempenha um papel determinante na variação observada, possivelmente reduzindo o potencial de resposta à seleção genética direta para essas características (Tabela 3).

A variância fenotípica é o resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambiental sobre a expressão de características de um determinado genótipo, porém a variância genética é o componente mais importante para o melhoramento (Borém et al., 2017).

A herdabilidade individual estimada para as variáveis estudadas foi de 0,13 para PMS, 0,04 para %MS, 0,09 para DC, 0,13 para ALT e 0,06 para NP (Tabela 3). De acordo com Resende (2002), a herdabilidade é classificada como baixa ($h < 0,15$), moderada ($0,15 < h < 0,50$) e alta ($h > 0,50$). Dessa forma, todas as variáveis apresentaram herdabilidade baixa, indicando que a influência do ambiente sobre essas características é predominante.

Entretanto, valores altos na herdabilidade sugerem a existência de variabilidade genética, o que pode contribuir para maior precisão na seleção e aumentar a probabilidade de identificar genótipos promissores de capim-elefante para produção de matéria seca (Tabela 3). Por outro lado, a baixa herdabilidade reforça que essas características são fortemente influenciadas por fatores ambientais (Storck e Ribeiro, 2011). Mesmo diante dessas limitações, a aplicação de métodos de seleção baseados em modelos mistos se justifica, pois, apesar da baixa herdabilidade, é possível prever ganhos genéticos favoráveis e identificar genótipos com potencial para o melhoramento (Viana e Resende, 2014).

Segundo Resende (2002) valores de repetibilidade iguais ou inferiores a 0,30 são considerados baixos, enquanto aqueles entre 0,30 e 0,60 são classificados como medianos e os valores superiores a 0,60 indicam alta repetibilidade. A repetibilidade para a variável de PMS foi de 0,62, para %MS foi de 0,34, DC foi de 0,19, ALT foi de 0,44, e NP foi de 0,53, assim apenas para DC foi considerada baixa, a produção de matéria seca obteve alta repetibilidade e as

demais variáveis foram consideradas medianas. Esses resultados corroboram os resultados encontrados no estudo de Vidal et al.(2023a) com famílias de meio-irmãos de capim-elefante, onde a repetibilidade foi alta para a característica de PMS e média para as características de ALT e NP e baixa para DC.

Ainda vale destacar que a repetibilidade é essencial para prever o valor genotípico de um indivíduo e determinar o número mínimo de avaliações necessárias para a seleção de genótipos, minimizando recursos e tempo no processo de seleção. Em programas de melhoramento de forrageiras, a repetibilidade permite a seleção de genótipos superiores através de colheitas/cortes sucessivos, as características se mantêm constante entre os cortes, otimizando a eficiência do processo. Em resumo, a alta repetibilidade no melhoramento de plantas é um componente vital para a seleção eficaz de genótipos superiores, permitindo otimizar recursos e tempo, enquanto enfrenta os desafios da interação genótipo x ambiente (Rodrigues et al., 2020).

Tabela 3. Componentes de variância obtidos pelo *REML* individual para famílias endogâmicas (S_1) de capim-elefante avaliadas em três safras, (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

CP	PMS	%MS	DC	ALT	NP
V_g	8,598	2,03	0,77	0,03	10,47
V_{parc}	5,53	0,69	0,24	0,00	13,18
V_{gm}	0,14	0,29	0,74	0,00	2,87
V_{perm}	26,31	11,54	1,57	0,07	59,03
V_e	24,29	26,27	4,63	0,12	69,18
V_f	64,88	40,83	7,95	0,23	154,74
h^2_g	0,13	0,04	0,09	0,13	0,06
c^2_{plot}	0,08	0,01	0,03	0,00	0,085
c^2_{gm}	0,00	0,00	0,09	0,02	0,01
c^2_{perm}	0,40	0,28	0,19	0,30	0,38
R	0,62	0,34	0,19	0,44	0,53
r_{gmsm}	0,98	0,87	0,51	0,86	0,78
Média Geral	13,81	38,79	13,34	3,43	25,64

V_g : variância genotípica entre progênies (1/4 da variação aditiva); V_{parc} : variância ambiental entre parcelas; V_{gm} : variância da interação genótipos x medições; V_{perm} : variância dos efeitos permanentes; V_e : variância residual temporária; V_f : variância fenotípica individual; h^2_g = herdabilidade entre progênies em nível individual; r : repetibilidade individual; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; c^2_{gm} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições, c^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos permanentes, r_{gmed} : correlação genotípica através das medições; a média geral do experimento.

A Tabela 4 mostra as classificações dos valores genotípicos, ganho genético e a nova média (*BLUP* individual) para as 11 famílias endogâmicas de capim-elefante. Com o ordenamento para as famílias endogâmicas mais promissoras, a tabela mostra os ganhos para produção de matéria seca, % de matéria seca e diâmetro do colmo, onde, as estimativas de ganho obtidas para PMS foram as mais expressivas entre as características avaliadas, variando de 0 (família 10) a 4,07 (família 11). Já as características de %MS o ganho variou de 0 a 1,30, diâmetro de colmo o ganho variou de 0 a 0,77, números de perfilhos variou de 0 a 4,37 e diâmetro de colmo variou de 0 a 0,71. Os ganhos em produção de matéria seca (PMS) foram menores em comparação com os resultados obtidos por Vidal et al. (2023) que observaram ganhos de até 30,5% no genótipo em famílias de meio-irmãos. Embora seja esperado que os ganhos sejam inferiores quando a seleção ocorre entre famílias, a endogamia pode ter contribuído para essa redução, afetando a produtividade dos genótipos ao longo das safras.

Ao analisar as médias e os ganhos das características avaliadas, as famílias que apresentaram melhor desempenho foram 11, 6, 1, 4 e 8 para três cortes de avaliação. Corroborando os resultados de Ambrósio et al. (2024), que ao avaliar um corte das 11 famílias endogâmicas como deste estudo, identificaram as famílias 6, 11, 8, 1, 3, 7 e 9 como superiores. Isso demonstra que as famílias 6, 11, 1 e 8 mantiveram sua produtividade ao longo das safras posteriores, reforçando seu potencial para programas de melhoramento genético.

Estudos com famílias endogâmicas de goiabeira utilizando uma metodologia de modelos mistos também foram realizados por Ambrósio et al. (2023), demonstrando a eficiência dessa abordagem no melhoramento genético de famílias endogâmicas. Esses resultados reforçam a importância desta metodologia para a seleção de genótipos superiores, permitindo uma avaliação mais precisa das características de interesse.

Tabela 4: Ordenamento, ganho predito e a nova média em famílias endogâmicas (S₁) de capim-elefante avaliada nas três safras (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

Ord.	Produção de matéria seca			% de Matéria Seca			Diâmetro do colmo		
	Família	Média	Ganho	Família	Média	Ganho	Família	Média	Ganho
1	11	17,89	4,07	4	40,09	1,30	3	14,06	0,71
2	6	17,67	3,85	2	40,07	1,28	1	14,04	0,70
3	8	17,03	3,22	5	39,94	1,14	7	14,01	0,67
4	1	16,34	2,53	8	39,77	0,982	8	13,93	0,58
5	3	15,88	2,07	11	39,62	0,83	9	13,87	0,53
6	9	15,47	1,66	9	39,48	0,69	11	13,82	0,48
7	4	15,10	1,29	6	39,37	0,58	6	13,76	0,42
8	7	14,80	0,994	3	39,28	0,49	5	13,66	0,31
9	5	14,49	0,68	10	39,14	0,35	10	13,56	0,22
10	2	14,15	0,34	1	39,03	0,24	4	13,48	0,14
11	10	13,81	0,00	7	38,79	0,00	2	13,34	0,00

Ord.	Número de perfilho			Altura de planta		
	Família	Média	Ganho	Família	Média	Ganho
1	6	30,023	4,37	8	3,63	0,19
2	11	29,44	3,8	1	3,61	0,18
3	4	28,50	2,85	6	3,60	0,17
4	7	28,00	2,35	3	3,600	0,16
5	1	27,53	1,88	11	3,59	0,15
6	5	27,12	1,47	9	3,56	0,12
7	9	26,79	1,14	7	3,536	0,09
8	3	26,52	0,88	2	3,50	0,06
9	2	26,29	0,64	10	3,48	0,04
10	8	26,00	0,36	4	3,45	0,01
11	10	25,64	0,00	5	3,43	0,00

A análise de estabilidade e adaptabilidade fenotípica revela uma coincidência no ordenamento das famílias mais produtivas pelos critérios de adaptabilidade (PRVG), estabilidade (MHVG) e pela avaliação simultânea de

ambos (MHPRVG) (Tabela 5) para a produção de matéria seca. De acordo com, Resende (2007) os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentam concordância na classificação dos materiais genéticos, permitindo um refinamento no processo seletivo, proporcionando inferências mais precisas sobre os valores genéticos e garantindo, simultaneamente, maior produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Os valores de MHPRVG refletem a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que é cultivado. Conforme Resende (2004), essa métrica representa uma estimativa da produtividade esperada, sendo especialmente útil para o planejamento do plantio em múltiplos locais com diferentes padrões de interação $G \times A$.

As famílias 11, 6, 8, 1 e 3 destacaram-se por apresentarem maior estabilidade e adaptabilidade para a produção de matéria seca, indicando maior previsibilidade no desempenho. Para a porcentagem de matéria seca, as famílias 4, 2, 5, 8 e 11 se destacaram. No diâmetro do colmo, as famílias 3, 1, 7, 8 e 11. Em relação à altura de planta, as famílias 8, 1, 6, 3 e 11 apresentaram os melhores resultados. Já para o número de perfilhos, as famílias 6, 11, 4, 7 e 1. No geral, as famílias 11, 8, 6, 1 e 3 mostraram maior estabilidade e adaptabilidade em quase todas as características avaliadas, reforçando seu potencial para programas de melhoramento genético voltados à produção de biomassa para fins bioenergéticos em famílias endogâmicas de capim-elefante. Sendo estas, as mesmas que obtiveram maiores ganhos na tabela 4, com exceção da família 3 (tabela 5). Dessas famílias 3 delas estão entre as mais produtivas em relação a PMS, que é a principal característica para a utilização desses genótipos para bioenergia.

Assim, a caracterização das famílias endogâmicas em relação aos seus padrões de adaptabilidade e estabilidade, após a seleção para capacidade produtiva, é essencial para a continuidade do programa de melhoramento do capim-elefante. A partir da análise desses padrões, foi possível identificar as famílias S_1 superiores, para a obtenção das famílias S_2 , garantindo a seleção de genótipos mais promissores.

Os valores de MHPRVG refletem a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que é cultivado, outros trabalhos utilizando a Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos preditos (MHPRVG) já foram utilizados no capim-elefante, nos estudos de Ambrósio et al. (2023) e Vidal et al. (2022).

Tabela 5. Análise de estabilidade e adaptabilidade fenotípica em famílias endogâmicas (S₁) de capim-elefante (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

Produção de Matéria seca						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MGG
1	11	17,8132	1,299	17,9412	1,2986	17,9356
2	6	17,3786	1,2671	17,5013	1,2666	17,4942
3	8	15,6669	1,1427	15,7834	1,1426	15,7808
4	1	14,1761	1,0348	14,292	1,0348	14,2918
5	3	13,9429	1,0177	14,0558	1,0176	14,0554
6	9	13,3141	0,9728	13,4365	0,9728	13,4358
7	4	12,7434	0,9311	12,8604	0,931	12,8594
8	7	12,5717	0,9185	12,6857	0,9184	12,685
9	5	11,8564	0,8676	11,9837	0,8673	11,979
10	2	10,9326	0,7998	11,0467	0,7995	11,0431
11	10	10,225	0,7489	10,3432	0,7484	10,3365

Matéria seca						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MGG
1	4	40,1376	1,0352	40,1556	1,0352	40,1554
2	2	40,1119	1,0345	40,1289	1,0345	40,1281
3	5	39,6987	1,0238	39,7145	1,0238	39,7131
4	8	39,2723	1,0129	39,2927	1,0129	39,2926
5	11	39,0239	1,0065	39,042	1,0065	39,0417
6	9	38,7569	0,9996	38,7762	0,9996	38,7758
7	6	38,6706	0,9977	38,7230	0,9976	38,6967
8	3	38,6302	0,9964	38,6526	0,9964	38,6519
9	10	37,9991	0,98	38,0171	0,98	38,017
10	1	37,9341	0,9784	37,9546	0,9784	37,9544
11	7	36,249	0,9349	36,2673	0,9349	36,2673

Tabela 5 Cont.

Diâmetro de colmo						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MGG
1	3	14,1557	1,0718	14,3423	1,0699	14,2739
2	1	14,0904	1,0671	14,2378	1,0667	14,2315
3	7	14,0112	1,0632	14,1847	1,0585	14,1219
4	8	13,6585	1,0347	13,8055	1,0304	13,7469
5	11	13,5242	1,0273	13,7063	1,0254	13,6803
6	9	13,5177	1,0243	13,6667	1,0228	13,6457
7	6	13,3194	1,0072	13,4378	1,007	13,4359
8	5	12,7223	0,9599	12,8076	0,9584	12,7865
9	10	12,5587	0,95	12,6745	0,9494	12,6662
10	4	12,3832	0,9412	12,557	0,9391	12,5292
11	2	11,2669	0,8532	11,3839	0,8527	11,3763
Altura de Planta						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MGG
1	8	3,5999	1,0595	3,6425	1,059	3,6409
2	1	3,5787	1,0519	3,6163	1,0518	3,616
3	6	3,5574	1,0466	3,5984	1,0466	3,5983
4	3	3,5374	1,0409	3,5786	1,0409	3,5785
5	11	3,5362	1,0392	3,5726	1,039	3,5721
6	9	3,4059	1,0014	3,4429	1,0014	3,4428
7	7	3,3016	0,9725	3,3435	0,9723	3,3427
8	2	3,262	0,9598	3,2999	0,9598	3,2998
9	10	3,21	0,9445	3,2472	0,9444	3,247
10	4	3,2055	0,9431	3,2424	0,9431	3,2423
11	5	3,1978	0,9406	3,2338	0,9405	3,2336

Tabela 5 Cont..

Número de perfilhos						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MGG
1	6	30,1184	1,1842	30,3684	1,1832	30,3451
2	11	28,8527	1,1348	29,1029	1,1339	29,0789
3	4	26,5863	1,0422	26,7284	1,0421	26,7243
4	7	26,4529	1,037	26,5954	1,0369	26,5915
5	1	25,3505	0,9975	25,5822	0,9966	25,5575
6	5	24,9711	0,9782	25,0862	0,9777	25,0732
7	9	24,6287	0,9653	24,7549	0,9649	24,7464
8	3	24,5144	0,9605	24,6339	0,959	24,594
9	2	24,1739	0,9486	24,3282	0,9466	24,2767
10	8	23,0079	0,9046	23,1998	0,904	23,1843
11	10	21,6088	0,847	21,7219	0,8469	21,7193

MHVG: Média Harmônica dos Valores Genéticos; MHPRVG: Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos; MHPRVG*MG: Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos relativa dos valores genotípicos; PRVG*MG: *performance* relativa dos valores genotípicos multiplicado PRVG: *performance* relativa dos valores genotípicos; PRVG*MG: *performance* relativa dos valores genotípicos multiplicados pela média geral

Analisando a amplitude das médias fenotípicas, com base na média dos três cortes de avaliação para as características dos sete primeiros genótipos promissores, é possível observar que a produção de matéria seca (PMS) variou de 33,57 t.ha⁻¹ ano⁻¹ a 19,55 t.ha⁻¹ ano⁻¹, com média dos genótipos selecionados de 23,15 e média geral de 13,81 t.ha⁻¹.

Para o número de perfilhos (NP), observaram-se valores médios de 36 a 54 unidades, com média dos selecionados de 36,81 unidades e média geral de 25,64 unidades. A característica "diâmetro do colmo" apresentou valores que variaram de 12,43 mm a 15,68 mm, com média dos selecionados de 13,24 mm e média geral de 13,34 mm.

Para a porcentagem de matéria seca (%MS), foi observada uma amplitude de 21,12% a 44,04%, com média dos selecionados de 37,07% e média geral de 38,79%. Quanto à característica "altura de planta" (ALT), geralmente associada à capacidade de produção de matéria seca da forragem do capim-elefante, verificou-se que os genótipos apresentaram alturas de 3,20 m a 4,5 m, com média dos selecionados de 3,80 m e média geral de 3,41 m.

Neste contexto, é válido comparar o potencial dos genótipos deste estudo com as cultivares disponíveis no mercado, destaca-se a cultivar BRS Capiáçu, que é um capim forrageiro alto, podendo atingir mais de 4,0 m, e apresenta folhas verdes, largas e longas, ausência de pelos na fase adulta, hastes grossas e entrenós longos. As touceiras são eretas, com alta densidade de perfilhos (média de 30 perfilhos/m²) e um potencial de produção total de matéria seca de 50 t/ha/ano. A cultivar Mineiro apresenta altura de até 3,80 m, touceiras abertas, alta capacidade de produção de matéria seca e perfilhamento vigoroso (Pereira et al., 2021).

Portanto, vale destacar que os valores fenotípicos das características agronômicas avaliadas das famílias S₁ são iguais ou superiores aos das cultivares comerciais, demonstrando, assim, o potencial dessas famílias para a obtenção de uma nova cultivar por meio de linhagens após sucessivas gerações de autofecundações, caso não ocorra depressão por endogamia, ou para serem utilizadas como genitores em futuras hibridações, com o objetivo de se obter genótipos superiores. Desta forma, os melhores genótipos dentro de cada família endogâmica serão utilizados para compor a segunda geração de autofecundação, dando continuidade ao programa em desenvolvimento.

Tabela 6. Valor fenotípico (VF) dos 11 melhores genótipos representantes das 11 famílias S₁ de capim-elefante (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2025).

Ord.	Produção de matéria seca		Altura de Planta		Número de perfilho		Diâmetro do colmo		Porcentagem de Matéria Seca	
	Indi.	VF	Indi.	VF	Indi.	VF	Indi.	VF	Indi.	VF
1	B1/F6/P5	33,77	B1/F11/P6	4,50	B1/F6/P5	41	B2/F8/P5	15,36	B1/F6/P5	37,18
2	B1/F11/P6	33,02	B2/F8/P5	4,20	B1/F11/P6	45	B1/F11/P6	13,34	B3/F4/P2	42,38
3	B2/F8/P5	29,84	B1/F1/P3	4,40	B3/F4/P2	36	B1/F1/P3	15,68	B3/F2/P3	21,12
4	B1/F1/P3	25,40	B2/F9/P6	3,93	B3/F7/P6	40	B2/F3/P2	12,43	B2/F8/P5	44,04
5	B2/F3/P2	19,55	B2/F3/P2	3,20	B2/F3/P2	36	B1/F6/P5	13,58	B2/F3/P2	36,39
6	B3/F7/P6	28,49	B1/F6/P5	3,87	B1/F1/P3	40	B3/F7/P6	15,65	B1/F11/P6	41,11
7	B2/F9/P6	32,25	B3/F7/P6	4,20	B2/F9/P6	54	B2/F9/P6	14,88	B3/F5/P5	25,65
8	B3/F4/P2	21,82	B3/F2/P3	3,50	B3/F5/P5	26	B3/F10/P6	11,28	B2/F9/P6	41,28
9	B3/F2/P3	12,86	B3/F5/P5	3,75	B2/F8/P5	39	B3/F5/P5	8,84	B1/F1/P3	38,96
10	B3/F5/P5	10,63	B3/F10/P6	3,07	B3/F2/P3	32	B3/F4/P2	12,75	B3/F10/P6	38,43
11	B3/F10/P6	7,11	B3/F4/P2	3,27	B3/F10/P6	16	B3/F2/P3	11,88	B3/F7/P6	41,23
	Média S.	23,15		3,80		36,81		13,34		37,07
	Média G.	13,81		3,43		25,64		13,34		38,79

Indi.: indivíduos; Média S: Média dos selecionados; MG: Média Geral. VF: Valor fenotípico

3.2.5. CONCLUSÕES

Com base na análise das médias e dos ganhos das características avaliadas, as famílias 11, 6, 1, 4 e 8 destacaram-se pelo melhor desempenho ao longo dos três cortes de avaliação. De maneira geral essas famílias demonstraram maior estabilidade, adaptabilidade e elevada produtividade em quase todas as características analisadas, reforçando seu potencial para programas de melhoramento genético direcionados à produção de biomassa com fins bioenergéticos.

Portanto, os genótipos mais promissores serão selecionados e autofecundados para obtenção do S₂ (famílias endogâmicas) de capim-elefante, com o objetivo de dar continuidade ao programa em desenvolvimento. Essas linhagens parcialmente endogâmicas serão utilizadas no futuro para a obtenção de híbridos altamente produtivos, que serão recomendados como novas cultivares de capim-elefante.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adams, C., Futemma, C., Paulo, S., Vargas, F.G., Administração, E. De., São, D.E. De., Paulo, S. (2020) APRESENTAÇÃO DO FÓRUM GOVERNANÇA AMBIENTAL NO BRASIL : ACELERANDO EM DIREÇÃO AOS OBJETIVOS DE DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL OU OLHANDO PELO RETROVISOR ?. *Cad Gestão Pública e Cid* | 25: 1–13.
- Agahi, K., Ahmadi, J., Oghan, H.A., Fotokian, M.H., Orang, S.F. (2020) Analysis of genotype x environment interaction for seed yield in spring oilseed rape using the AMMI model. *Crop Breed Appl Biotechnol* 20: 1–8.
- Alcantara, P.B., Bufarah, G. (1999) Plantas forrageiras: gramíneas e leguminosas- -Sao Paulo, Brasil, Ed.
- Amabile, R.F., Vilela, M.S., Peixoto, J.R. (2018) *Melhoramento de plantas: variabilidade genética, ferramentas e mercado*. Brasília, DF 11–15p.
- Ambrósio, M., Daher, R.F., Grasiela, J., Santana, S., Júnior, H.G., Leite, C.L., Kesia, A., Vidal, F., Rodrigues, M., Freitas, R.S., Souza, A.G. De., Stida, W.F., Santos, R.M., Esdras, J., Farias, C. (2023) Adaptability and stability via mixed models in elephant- grass (*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone) varieties for energy purposes. *PLANT Breed* 1–17.

- Ambrósio, M., Daher, R.F., Silva Santana, J.G., Leite, C.L., Duarte, J.V.B., Vidal, A.K.F., Nascimento, M.R., de Souza, A.G., Freitas, R.S., Stida, W.F., Farias, J.E.C., Santos, R.M. (2024) Genetic divergence and truncation and simultaneous selection in inbred families (S_1) of elephant grass for bioenergetic purposes via mixed models. *Sci Rep* 14: 1–14.
- Ambrosio, M., Viana, A.P., Cavalcante, N.R., Preisigke, S.D.C., Santana, J.G.S., Crevelari, J.A. (2023) Coefficient of repeatability, stability, and adaptability estimates for *Psidium guajava* S_1 progenies via mixed models. *Rev Bras Frutic* 45: 1–15.
- Anderson, P.R., Mergulhão Júnior, C., Stoffes Júnior, M.J., Stein, C.R. (2021) Simulação do Efeito Estufa, da intensificação do Efeito Estufa pela presença de CO_2 e do impacto da mudança da cobertura da Terra na temperatura média do meio utilizando o Arduino. *Rev Bras Ensino Física* 43: 1–4.
- Andrade, D.A.S. de., Martins, L.O.S. (2021) Estimativa Teórica Do Potencial De Geração De Energia Elétrica a Partir De Cana-De-Açúcar, Capim-Elefante E Coco Da Bahia No Brasil. *Textura* 14: 38–58.
- Annicchiarico, P. (1992) Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *J Genet Breed* 46: 269–278.
- Baicha, B, Z. a., Salar-García, A, M.J., Ortiz-Martínez, A, V.M., Hernández-Fernández A, F.J., de los Ríos, C, A.P., AbjarB, N.L., Lotfi, B, E., Elmahi, M. (2016) A critical review on microalgae as an alternative source for bioenergy production: A promising low cost substrate for microbial fuel cells. *Plant Soil* 154: 104–116.
- Barbé, T.C. da. (2012) Variação de caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e da qualidade da biomassa energética de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) em função da idade da planta. Tese (Doutorado em Produção Vegetal)--Campos dos Goytacazes--RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
- Bastos, I.T., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V. de., Peternelli, L.A., Silveira, L.C.I. da., Donda, L.R., Fortunato, A.A., Costa, P.M. de A., Figueiredo, I.C.R. de.

- (2007) Evaluation of Genotype *Versus* Environment Interaction in Sugarcane Using Mixed Models. *Pesqui Agropecuária Trop (Agricultural Res Trop)* 37: 195–203.
- Beber, R.C., Turini, C. da S., Beber, V.C., Nogueira, R.M., Pires, E.M. (2024) Elephant Grass Cultivar BRS Capiaçú as Sustainable Biomass for Energy Generation in the Amazon Biome of the Mato Grosso State. *Energies*. doi: 10.3390/en17215409
- Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017a) *Melhoramento de Planta*. 543p.
- Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017b) *Melhoramento de Planta*. 7.ed. 543p.
- Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2021) *Melhoramento de plantas*.
- Bueno, A.M., Andrade, A.F. de., Viçosi, K.A., Flores, R.A., Sette Jr, C.R., Cunha, T.Q.G. da., Santos, G.G. (2020) Does Nitrogen Application Improve Elephant Grass Yield and Energetic Characteristics of Biofuels?. *BioEnergy Res* 14: 774–784.
- Chemisquy, M.A., Giussani, L.M., Scataglini, M.A., Kellogg, E.A., Morrone, O. (2010) Phylogenetic studies favour the unification of *Pennisetum*, *Cenchrus* and *Odontelytrum* (Poaceae): A combined nuclear, plastid and morphological analysis, and nomenclatural combinations in *Cenchrus*. *Ann Bot* 106: 107–130.
- Cordeiro, A.G.M., Lima, J.A., Pena, G.F., Rossi, A.A.B., Godinho, V. de P.C., Guimarães, P.E. de O. (2021) Revista de Ciências Agroambientais Diversidade genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) a partir de caracteres morfoagronômicos. doi: 10.30681/rcaa.v19i2.5988
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. *rev. e ampl.*
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético II. *Viçosa UFV* 585.

- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) Biometric models applied to genetic improvement= Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.
- Cruz, D.P. da., Oliveira, T.R.A. de., Gomes, A.B.S., Sant'Anna, C.Q. da S.S. de., Gravina, L.M., Rocha, R.S., Jaeggi, M.E.P. da C., Pereira, I.M., Entringer, G.C., Gravina, G.D.A., Vivas, M., Daher, R.F. (2020) Selection of Cowpea Lines for Multiple Traits by GYT Biplot Analysis. *J Agric Stud* 8: 124.
- Daher, R.F., Menezes, B.R.S., Gravina, G.A., Filho, B.F. de S., Vidal, A.K.F., Stida, W.F., Freitas, R.S., Souza, A.G. de., Novo, A.A.C., Pereira, A. Vander., Santos, P.R. dos. (2020) Correlations Between Stability Statistics of Forage Production in Elephant Grass. *J Agric Sci* 12: 118.
- Daher, R.F., Souza, L.B., Gravina, G.A., Machado, J.C., Ramos, H.C.C., Silva, V.Q.R., Menezes, B.R.S., Schneider, L.S.A., Oliveira, M.L.F., Gottardo, R.D. (2014) Use of elephant grass for energy production in Campos dos Goytacazes-RJ, Brazil. *Genet Mol Res* 13: 10898–10908.
- De Almeida, W.S., Tomaz, F.L.D.S., Araújo, L.B.R., Barroso Neto, A.M., Bertini, C.H.C.D.M. (2020) Moisture correction in pods of cowpea genotypes to estimate yield. *Científica* 48: 339–345.
- de Souza, A.G., Daher, R.F., Santana, J.G.S., Ambrosio, M., Nascimento, M.R., Vidal, A.K.F., Filho, B.F. de S., Melo, L., Gravina, G. de A., Santos, R.M., Leite, C.L., Farias, J.E.C., Stida, W.F., Rocha, R.S. (2023) Adaptability and stability of black bean genotypes for Rio de Janeiro, by GGE Biplot analysis. *Crop Breed Appl Biotechnol* 23: 1–8.
- Deresz, F. (1994) Manejo de pastagem de capim-elefante para produção de leite e carne. *Simpósio sobre Capim-Elefante* 2: 1994.
- Deresz, F. (1999) *Utilização do capim-elefante sob pastejo rotativo para produção de leite e carne*. Embrapa Gado de Leite Juiz de Fora-MG.
- Duarte, J. (2023) Mudanças Da Política Externa Brasileira Para A Bioenergia: Análise Dos Acordos Internacionais De Dilma Rousseff A Jair Bolsonaro (2011-2022) | Changes In The Brazilian Foreign Policy To Bioenergy: An Analysis Of International Agreements From Dilma Rouseff. *Rev Neiba, Cad Argentina Bras* 12: 1–25.

- Eberhart, S.A., Russell, W.A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci* 6: 36–40.
- Evangelista, J.S.P.C., Alves, R.S., Peixoto, M.A., de Resende, M.D.V., Teodoro, P.E., da Silva, F.L., Bhering, L.L. (2021) Soybean productivity, stability, and adaptability through mixed model methodology. *Cienc Rural* 51: 1–7.
- Gravina, L.M., Rebecca A. de Oliveira, T., Daher, R.F., Gravina, G.A., Ana, A.K., Stida, W.F., Cruz, D.P., de Sant'Anna, C.Q.S.S., Rocha, R.S., Pereira, A. V., Gustavo, G.H. (2020) Multivariate analysis in the selection of elephant grass genotypes for biomass production. *Renew Energy* 160: 1265–1268.
- Gutiérrez, H.F. (2015) Las especies americanas del género *Cenchrus* S.L. (Poaceae, Panicoideae, Paniceae). *Darwiniana* 3: 114–200.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. de. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer.
- He, R. (2024) The Role of Biomass Energy in Zero-Carbon Development : A Review on Bioethanol , Biochar , and Biogas. *China Agric Univ* 0: 181–189.
- Henderson, C.R. (1973) Sire evaluation and genetic trends. *J Anim Sci* 10–41.
- Henderson, C.R. (1949) Estimation of changes in herd environment. *J Dairy Sci* 32: 706–706.
- Lima, R.S.N., Daher, R.F., Gonçalves, L.S.A., Rossi, D.A., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Lédo, F.J.S. (2011) RAPD and ISSR markers in the evaluation of genetic divergence among accessions of elephant grass. *Genet Mol Res* 10: 1304–1313.
- Mahlia, Teuku Meurah Indra; smail, N.I., Hossain, N., Silitonga, A.S., Shamsuddin, A.H. (2019) Palm oil and its wastes as bioenergy sources: a comprehensive review. 26: 14849–14866.
- Marafon, A.C., Santiago, A.D., Amaral, A.F.C., Bierhals, A.N., Paiva, H.L., Guimarães, V. dos S. (2016) Poder Calorífico do Capim- Elefante para a Poder Calorífico do. *Embrapa Tabuleiros Costeiros* 29.

- McKendry, P. (2002) Energy production from biomass (part 1): overview of biomass. *Bioresour Technol* 36: 37–46.
- Menezes, B.R.S., Daher, R.F., Gravina, G.D.A., Do Amaral, A.T., Oliveira, A. V., Schneider, L.S.A., Silva, V.B. (2014) Correlações e análise de trilha em capim-elefante para fins energéticos. *Rev Bras Ciências Agrar* 9: 465–470.
- Miranda, G.V., Braun, E.M.W., Alves, M.E.V.B., Machado, P., Ramos, A. de M. (2021) Desempenho de híbridos de milho em diferentes épocas de semeadura na segunda safra em baixa altitude no extremo Oeste do Estado do Paraná / Performance of corn hybrids at different sowing times in the second low-season crop in the extreme west of the Stat. *Brazilian J Dev* 7: 34794–34810.
- Mohammadi, R., Amri, A. (2011) Graphic analysis of trait relations and genotype evaluation in durum wheat. *J Crop Improv* 25: 680–696.
- Moreto, A.L., Pola, A.C., Lorenzi, É.F.P. De., Junior, M.F.B., Wesp, C. de L. (2023) Desempenho de genótipos de mandioca via metodologia de modelos mistos em Santa Catarina. *Ciências Agrárias limites e potencialidades em Pesqui* 2: 85–95.
- Nikhil, A.S., Lal, G.M., Reddy, I.N.B., Raju, E.B. (2023) Study on Genetic Variability for Quantitative and Quality Parameters in Rice (*Oryza sativa* L.). *Int J Plant Soil Sci* 35: 1529–1541.
- Oliveira, M.F., Daher, R.F., Gravina, G. de A., Silva, V.B. da., Pio Viana, A., Rodrigues, E.V., Shimoya, A., Amaral Junior, A. do., Menezes, B.R. da S., Rocha, A. dos S. (2014) Pre-breeding of elephant grass for energy purposes and biomass analysis in Campos dos Goytacazes- RJ, Brazil. *African J Agric Res* 9: 2743–2758.
- Oliveira, A. V., Daher, R.F., Menezes, B.R.S., Souza, L.B., Gonçalves, A.C.S., Oliveira, M.L.F. (2013) Avaliação do desenvolvimento e de características morfoagronômicas e qualidade de biomassa energética de 73 genótipos de capim-elefante em Campos dos Goytacazes-RJ. *Bol Indústria Anim* 70: 119–131.

- Paterlini, E.M., Donária, M., Arantes, C., Gomes, F., Vidaurre, G.B., Bauer, M.D.O., Cabral, J. (2013) Evaluation of elephant grass for energy use. *J Biotechnol Biodivers* 4: 119–125.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B. de. (1987) Melhoramento de populações. *Melhoramento e produção do milho. Campinas Fundação Cargill* 1: 217–274.
- Pereira, T.C.G. (2014) *Planejamento Energético e as políticas públicas: Aspectos conceituais e metodológicos*. 305p.
- Pereira, A. V. (1994) Simpósio sobre capim-elefante. *In: Germoplasma e diversidade genética do capim-elefante. I*. Juiz de fora: EMBRAPA/CNPGL: p. 12–43 12–43.
- Pereira, A. V., Lira, M. de A., Machado, J.C., Gomide, C.A. de M., Martins, C.E., Ledo, F.J. da S., Daher, R.F. (2021) Elephantgrass, a tropical grass for cutting and grazing. *Rev Bras Ciências Agrárias* 16: e9317.
- Pereira, A. V., Souza Sobrinho, F. de., de Souza, F.H.D., Lédo, F.J. da S. (2003) Tendências do melhoramento genético e produção de sementes de forrageiras no Brasil. *In: Embrapa Pecuária Sudeste-Artigo em anais de congresso*. p. 36–63 36–63.
- 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. *Circ Técnica* 4.
- Resende, M.D.V. de. (2002a) *SELEGEN-REML/BLUP-Seleção genética computadorizada: manual do usuário*.
- Resende, M.D.V. de. (2007a) *Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. 259p.
- Resende, M.D.V. de. (2007b) *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. 359 p.p.
- Resende, M.D.V. de. (2016) Software *SELEGEN-REML/BLUP*: A useful tool for plant breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol* 16: 330–339.

- Resende, M.D.V. de. (2004) Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo. In: *Embrapa Florestas. Documentos, 100*. p. 57 57.
- Resende, M.D. V. (2002b) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação, 975p.
- Rocha, A. dos S., Daher, R.F., Gravina, G. de A., Pereira, A. Vander., Rodrigues, E.V., Viana, A.P., Silva, V.Q.R. da., Junior, A.T. do A., Novo, A.A.C., Oliveira, M.L.F., Oliveira, E. da S. (2015a) Comparison of stability methods in elephant-grass genotypes for energy purposes. *African J Agric Res* 10: 4283–4294.
- Rocha, A. dos S., Daher, R.F., Gravina, G. de A., Pereira, A. Vander., Rodrigues, E.V., Viana, A.P., Silva, V.Q.R. da., Junior, A.T. do A., Cecon Novo, A.A., Oliveira, M.L.F., Silva, O.E. da. (2015b) Comparison of stability methods in elephant-grass genotypes for energy purposes. *African J Agric Res* 10: 4283–4294.
- Rodrigues, E.V., Daher, R.F., Gravina, G. de A., Viana, A.P., de Araújo, M.D.S.B., Oliveira, M.L.F., Vivas, M., Menezes, B.R. da S., Vander Pereira, A. (2020) Repeatability estimates and minimum number of evaluations for selection of elephant-grass genotypes for forage production. *Biosci J* 36: 30–41.
- Rosa, R., Cação, M.M. de F., Poletine, J.P. (2023) Interação genótipo x ambiente em linhagens irmãs de soja por meio dos modelos mistos GGE e AMMI. 188–228.
- Rosado, A.M., Rosado, T.B., Alves, A.A., Laviola, B.G., Bhering, L.L. (2012) Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesqui Agropecu Bras* 47: 964–971.
- Rossi, D.A., Rafaela, B., Menezes, da S., Rogério., Daher, R.F., Gravina, G. de A., Lima, R.S.N. de., Ledo, F.J. da S., Gottardo, R.D., Campostrini, E., Souza, C.L.M. de. (2014) Canonical correlations in elephant grass for energy purposes. *African J Biotechnol* 13: 3666–3671.
- Sabaghnia, Naser., Janmohammadi, M. (2014) Interrelationships among some morphological traits of wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using Biplot. *Bot Lith ISSN* 20: 19–26.

- Sabaghnia, N., Behtash, F., Janmohammadi, M. (2015) Graphic analysis of trait relations of spinach (*Spinacia oleracea* L.) landraces using the Biplot method. *Acta Univ Agric Silv Mendeliana Brun* 63: 1187–1194.
- Santana, G.J.S., Calaça, J.E.F., Daher, R.F., Ambrósio, M., Leite, C.L., Vidal, A. kesia F., Nascimento, M.R., Souza, A.G. de. (2023) Estimation of genetic diversity in full-sib families of elephant grass *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone L. doi: 10.1590/1983-40632023v5375967
- Santana, J.G.S., Daher, R.F., Ambrósio, M., Leite, C.L., Vidal, A.K.F., Freitas, R.S., Nascimento, M.R., Netto, J.A.L., Duarte, J.V.B., Farias, J.E.C., de Souza, A.G. (2024) Phenotypic traits and genetic diversity of elephant grass for bioenergy purposes. *Genet Resour Crop Evol.* doi: 10.1007/s10722-024-02174-1
- Santana, J.G.S., Ramos, H.C.C., Miranda, D.P., Santa Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., de Sousa Poltronieri, T.P., Duarte, R.P., Pirovani, A.A.V., Bohry, D., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G. (2021a) Genotype analysis by trait is a practical and efficient approach on discrimination of inbred lines and identification of papaya (*Carica papaya* L.) ideotypes for fruit quality. *Euphytica*. doi: 10.1007/s10681-021-02850-8
- Santana, J.G.S., Ramos, H.C.C., Miranda, D.P., Santa Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., de Sousa Poltronieri, T.P., Duarte, R.P., Pirovani, A.A.V., Bohry, D., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G. (2021b) Genotype analysis by trait is a practical and efficient approach on discrimination of inbred lines and identification of papaya (*Carica papaya* L.) ideotypes for fruit quality. *Euphytica* 217: 1–11.
- Santos, M.P., Daher, R.F., Ponciano, N.J., Gravina, G.A., Pereira, A. V., Santos, C.L. (2014) Respostas do capim-elefante sob doses de adubação azotada de cobertura para fins energéticos. *Rev Ciências Agrárias* 37: 100–108.
- Schneider, L.S.A. (2013) Avaliação morfoagronômica, adaptabilidade e estabilidade da produção de forrageira de capim-elefante. M. Sc. Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro-UENF 84p.

- Silva, J.A., Pereira, J. de L.W., Valadares, R.D.N., Lima, R.S. de., Silva, F.S., Guiselini, C., Menezes, D. (2022) Adaptability and stability of eggplant submitted to different levels of shading via REML/BLUP. *Hortic Bras* 40: 99–106.
- Silva, V.Q.R., Daher, R.F., Gravina, G.A., Ledo, F.J.S., Tardin, F.D., Souza, M.C. (2014) Capacidade combinatória de capim-elefante com base em caracteres morfoagronômicos. *Bol Indústria Anim* 71: 63–70.
- Silveira, E.S., Carvalho, M.N., De Lima, B.B., De Oliveira, T.R.A., De Oliveira, G.H.F. (2021) Characterization of different genetic classes of maize cultivated in a semi-arid region regarding the forage potential. *Rev Mater.* doi: 10.1590/S1517-707620210004.1302
- Sousa, L.B., Daher, R.F., Da Silva Menezes, B.R., Rodrigues, E.V., Tardin, F.D., De Amaral Gravina, G., Vander Pereira, A. (2016) Qualidade da biomassa em híbridos de capim-elefante para fins energéticos. *Rev Bras Ciências Agrar* 11: 85–91.
- Srivastava, R.K., Shetti, N.P., Reddy, K.R., Kwon, E.E., Nadagouda, M.N., Aminabhav, T.M. (2021) Biomass utilization and production of biofuels from carbon neutral materials. *Rev Ciência Agronômica* 276: 116731.
- Stebbins, G.L., Crampton, B. (1961) A suggested revision of the grass genera of temperate North America. *Recent Adv Bot* 1: 133–145.
- Stida, W., Daher, R., Vidal, A.K., Freitas, R., Santana, J., Ambrósio, M., Souza, A. (2024) Seleção para produtividade em genótipos forrageiros de capim-elefante utilizando análise GGE *Biplot*: Seleção para produtividade em genótipos forrageiros de capim-elefante utilizando análise de GGE *Biplot*. *Res Gate* 24: 346–365.
- Stida, W.F., Daher, R.F., Viana, A.P., Vidal, A.K.F., Freitas, R.S., da Silva, V.B., Pereira, A.V., Cassaro, S., Menezes, B.R.D.S., Furlani, E.P. (2018) Estimation of genetic parameters and selection of elephant-grass (*Pennisetum purpureum* Schumach.) for forage production using mixed models. *Chil J Agric Res* 78: 198–204.

- Sudré, C.P., Rodrigues, R., Riva, E.M., Karasawa, M., Amaral Júnior, A.T. do. (2005) Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. *Hortic Bras* 23: 22–27.
- Tavares, S.R.L., Santos, T.E. (2013) Use of different sources of biomass plant for the production of solid biofuel. *Holos* 5: 19–27.
- Techio, V.H., Davide, L.C., Pedrozo, C.Â., Pereira, A. Vander. (2006) Viabilidade do grão de pólen de acessos de capim-elefante, milheto. *Acta Sci Biol Sci*. doi: 10.4025/actascibiolsoci.v28i1.1052
- TEIXEIRA, R.L.B.C., SILVA, W.A. (2021) Energia de fontes renováveis na matriz energética brasileira: uma revisão sobre o panorama atual e perspectivas futuras. 8: 1515–1532.
- Urquiaga, S., Alves, B.J.R., Boddey, R.M. (2006) Capim-elefante: uma fonte alternativa promissora para a produção de energia.
- Viana, A.P. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. Interciência,
- Vidal, A.K.F., Daher, R.F., Ambrósio, M., Santana, J.G.S., Freitas, R.S., Gravina, G. de A., Rodrigues, E.V., Stida, W.F., de Souza, A.G., Leite, C.L., Farias, J.E.C., Rangel, L.H., Pereira, A. Vander. (2023a) Estimation of repeatability and genotypic superiority of elephant grass half-sib families for energy purposes using mixed models. *Sci Agric* 80: 1–8.
- Vidal, A.K.F., Daher, R.F., Freitas, R.S., Stida, W.F., Ambrósio, M., Santana, J.G.S., de Souza, A.G., de Amaral Gravina, G., Vivas, M., do Amaral Junior, A.T. (2022) Simultaneous selection for yield, adaptability and stability and repeatability coefficient in full-sib families of elephant grass for energy purposes via mixed models. *Euphytica* 218: 1–15.
- Vidal, A.K.F., Freitas, R.S., Daher, R.F., Ambrósio, M., Santana, J.G.S., Stida, W.F., Nascimento, M.R., Santos, R.M., Leite, C.L., Netto, J.A.L. (2023b) Genotypic superiority and repeatability coefficient in elephant grass clones for forage production via mixed models. *Euphytica* 219: 1–12.

- Vilarinho, A.A., Soriano Viana, J.M., Marinho Câmara, T.M., Dos Santos, J.F. (2008) Seleção de progênies endogâmicas S₁ e S₂ em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho-pipoca. *Acta Sci Agron* 24: 1419.
- Yan, W. (2014) *Crop Variety Trials: Data Management and Analysis*.
- Yan, W., Kang, M.S. (2003) *GGE Biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC press, 286p.
- Zulfiqar, S., Ishfaq, S., Ikram, M., Nawaz, M.A., Rahman, M.U. (2021) Characterization of gamma-rays-induced spring wheat mutants for morphological and quality traits through multivariate and gt bi-plot analysis. *Agronomy*. doi: 10.3390/agronomy11112288