

**SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS
ENERGÉTICOS UTILIZANDO MODELOS MISTOS**

SABRINA CASSARO

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2018**

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS UTILIZANDO MODELOS MISTOS

SABRINA CASSARO

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”.

Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2018

FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCH / UENF

059/2018

C343 Cassaro, Sabrina.

Seleção de híbridos de capim-elefante para fins energéticos utilizando modelos mistos / Sabrina Cassaro. – Campos dos Goytacazes, RJ, 2018.

66 f. : il.

Bibliografia: 44 – 54.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2018.

Orientador: Rogério Figueiredo Daher.

1. *Pennisetum Purpureum*. 2. Procedimento REML/BLUP. 3. Herdabilidade. 4. Genótipos Superiores. 5. Variabilidade Genética. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD – 633.223

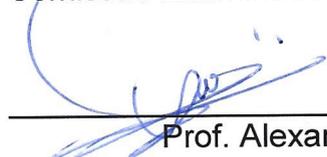
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS UTILIZANDO MODELOS MISTOS

SABRINA CASSARO

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovada em 23 de fevereiro de 2018.

Comissão Examinadora:



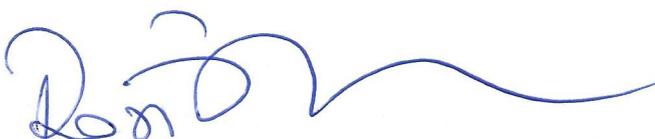
Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF



Dra. Geovana Cremonini Entringer (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
UENF



Dra. Verônica Brito da Silva (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UFPI



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

A meus pais, Demétrio e Dezinéia, por todo amor, carinho, força e incentivo.

Aos meus amigos, pela amizade e pelo companheirismo.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser meu alicerce, e por sempre me conceder sabedoria, coragem e força para seguir em frente.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade da realização deste curso.

Aos órgãos de fomento CAPES, Faperj e CNPq, pelo financiamento da pesquisa e, em especial, à CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus pais, Demétrio e Dezinéia, minha base. Obrigada por cada palavra de incentivo, pela presença constante, por acreditarem em mim e por nunca permitirem que eu desistisse.

À minha avó Orlandina, minha segunda mãe. Obrigada pelo apoio e ajuda, pelas orações, pelo carinho e amor.

À minha família, por todo apoio e amor.

Ao Professor Rogério Daher, pela orientação, pela confiança, pela paciência e pelo apoio.

Aos amigos de laboratório, pela companhia, pelo auxílio nos trabalhos, pelas conversas, pelas risadas e por todo apoio.

Aos professores do curso de Pós-Graduação, pela oportunidade de aprendizagem, pela confiança e pelo incentivo, essenciais para meu crescimento profissional.

A Dra. Verônica, a Dra. Geovana e ao Prof. Alexandre, pela disponibilidade de participação na banca e pelas contribuições.

Aos amigos feitos ao longo do curso, pelas horas de estudo, pelas conversas, pelas boas risadas e pela companhia diária.

Aos funcionários da PESAGRO/UENF, pelo auxílio ao longo do experimento.

Ao Secretário do Programa, José Daniel, pela paciência, pela alegria e pela generosidade para conosco.

Aos demais amigos, por todo amor, pela paciência e pelo apoio nos momentos de tensão. Obrigada pelas risadas, pelos conselhos e por compartilharem minha felicidade.

A todos que, de alguma forma, ajudaram-me até aqui.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. Aspectos gerais da cultura do capim-elefante	4
3.2 Importância socioeconômica do capim-elefante e sua utilização como fonte alternativa de energia	5
3.3 Melhoramento genético do capim-elefante	7
3.4 Metodologia REML/BLUP na seleção de plantas perenes	13
4. MATERIAL E MÉTODOS	16
4.1 Local da condução do experimento.....	16
4.2 Material de estudo.....	16
4.3 Delineamento experimental.....	19
4.4 Características avaliadas	19
4.5 Análises genético-estatísticas - Metodologia REML/BLUP	20
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	23

5.1	Estimativa de parâmetros genéticos - REML	23
5.2	Seleção de famílias e indivíduos — BLUP	29
6.	CONCLUSÕES	43
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	44

RESUMO

CASSARO, Sabrina; M. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro, 2018. SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS UTILIZANDO MODELOS MISTOS; Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher; Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Geraldo de Amaral Gravina.

O capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum) é uma planta de origem tropical, com alto potencial de produção de biomassa, adaptada a diferentes ecossistemas, destacando-se, atualmente, como fonte alternativa de energia. Com isso, alguns pesquisadores têm investido em programas de melhoramento dessa espécie, pois, devido à sua grande variabilidade genética, decorre a existência de uma excelente oportunidade para o sucesso em processos de seleção de cultivares e para a otimização de insumos proporcionando um alto potencial de biomassa para fins energéticos. O presente estudo tem por objetivos: avaliar famílias de irmãos completos de capim-elefante com seleção de plantas entre e dentro de famílias; obter estimativas de parâmetros genéticos e predizer valores genéticos utilizando a metodologia REML/BLUP; selecionar híbridos com elevada capacidade de produtividade de biomassa. O experimento foi conduzido em Campos dos Goytacazes-RJ, com cruzamentos intraespecíficos, no delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliadas quatro famílias de irmãos completos compostas por parcelas constituídas por cinco plantas, sendo realizados quatro cortes. As características morfoagronômicas

avaliadas foram produção de matéria seca, número de perfilhos, diâmetro do colmo, altura de plantas e porcentagem de matéria seca. Os parâmetros genéticos e os valores genotípicos foram estimados por meio do procedimento REML/BLUP-Selegen. A análise de deviance não mostrou diferenças significativas entre os híbridos. Os híbridos avaliados apresentaram alta, moderada e baixa variabilidade genética. Os altos valores de herdabilidade média dos híbridos para as características produção de matéria seca e número de perfilhos permitiram também obter elevadas acurácias. As famílias 2 e 3 apresentaram os melhores resultados e são consideradas propícias para a seleção de indivíduos superiores. Dessa forma, foram selecionados seis híbridos para cada variável avaliada, porém os híbridos 6, 11, 14, 15, 32, 35, 51, 52, 53 e 55 apresentaram destaque entre os demais, apresentam-se como clones ou genitores potenciais para obtenção de populações superiores. O procedimento REML/BLUP demonstrou-se eficaz na seleção das melhores famílias e plantas, o que certamente contribuirá com maiores avanços em programas de melhoramento.

ABSTRACT

CASSARO, Sabrina; M. Sc.; State University of North Fluminense Darcy Ribeiro; February, 2018. Selection of Elephant-Grass Hybrids for Energy Purposes Applying Mixed Models; Advisor: Prof. Rogério Figueiredo Daher; Counselors: Prof. Alexandre Pio Viana and Prof. Geraldo de Amaral Gravina.

The elephant-grass (*Pennisetum purpureum* Schum) is a tropical plant with high potential for biomass production and adapted to different ecosystems. Currently, it has been distinguishing as an alternative energy source. Thus, some researchers have invested efforts in developing breeding programs for that species, since its great genetic variability provides an excellent opportunity to succeed in cultivar selection processes and optimizes inputs generating a high biomass potential for energy purposes. This project aims to assess full-sib families of elephant-grass with plant selection between and within families; estimate genetic parameters and predict genetic values applying the REML/BLUP methodology; and select hybrids with great capability for biomass production. The experiment was conducted in Campos dos Goytacazes city, Rio de Janeiro State, Brazil, using intraspecific crosses in a randomized block design with three replications. Four full-sib families composed of plots of five plants, applying four cuts were assessed. The morpho-agronomic traits assessed were dry matter production; number of tillers; diameter of stem; height of plants; and dry matter percentage. The genetic parameters and genotypic values were estimated using the REML/BLUP-Selegen procedure. The deviance analysis did not show significant differences among the hybrids. The

hybrids assessed showed high, moderate and low genetic variability. The high values of mean heritability of the hybrids for the dry matter production and number of tillers traits also allowed obtaining great accuracies. The families 2 and 3 displayed the best results and are considered adequate to select superior individuals. Thus, six hybrids for each variable assessed were selected; however, the hybrids 6, 11, 14, 15, 32, 35, 51, 52, 53 and 55 highlighted from the others, as they appeared as clones or potential genitors to obtain superior populations. The REML/BLUP procedure proved to be efficient to select the best families and plants, which certainly will contribute to greater advances in breeding programs.

1. INTRODUÇÃO

O capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) é originário do continente africano e foi introduzido no Brasil no ano de 1920, vindo de Cuba (Rodrigues et al., 2001). Atualmente apresenta-se adaptado a diversas condições climáticas (Flores et al., 2013; Rossi et al., 2014).

A espécie caracteriza-se como sendo uma gramínea perene, com inflorescência do tipo racimo espiciforme, alotetraploide ($2n = 4x = 48$, genoma A'A'BB) (Martel et al. 1997) e com alto nível de heterozigose (Instituto Hórus, 2017). É uma espécie alógama e protogínica e, com isso, apresenta baixa produção de sementes. A propagação comercial é feita principalmente de forma vegetativa, o que permite a fixação de um genótipo, facilitando seu melhoramento (Pereira et al., 2001).

Apresenta-se altamente eficiente na fixação de CO₂ durante o processo da fotossíntese por ser de metabolismo C₄, auxiliando também na formação de biomassa vegetal (Lemus et al., 2002) e na capacidade de acumulação de matéria seca.

A biomassa vegetal vem ganhando importância no desenvolvimento de energias alternativas na matriz energética (Nass et al., 2007) por possuir vantagens econômicas e ambientais significativas e ser de baixo custo (Ibrahim et al., 2014). Como a queima de biomassa somente recicla CO₂ que foi retirado da atmosfera pela fotossíntese, tudo indica que, em longo prazo, esta será uma das alternativas energéticas mais seguras (Foutoura et al, 2015).

Diante disso, o capim-elefante apresenta características desejáveis para utilização na produção de energia renovável, pois apresenta o colmo como uma parte fibrosa, mais dura, que forma a casca, e uma medula com feixes vasculares. Sua estrutura morfológica é 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) e já é largamente utilizado como fonte de energia.

O potencial produtivo do capim-elefante, associado a outras características como alta produção de matéria seca, altos teores de fibra, lignina, celulose e baixo consumo de fertilizantes nitrogenados, tem estimulado seu melhoramento genético visando ao desenvolvimento de genótipos para fins energéticos (Paterniani et al., 2013). Assim, a seleção entre e dentro de famílias é uma alternativa para potencializar o ganho genético, selecionando tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos dentro das famílias (Cruz e Carneiro, 2014).

O uso de modelos mistos para avaliação genética vem sendo de grande aplicabilidade na seleção de genótipos superiores (Laviola et al., 2010). Esses modelos permitem a estimação de componentes de variância e a predição dos valores genéticos via máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor preditor linear não viciado (BLUP), respectivamente (Rodrigues et al., 2013). Com isso, esses modelos contemplam simultaneamente as informações de família e de indivíduo através do uso da matriz de coeficiente de parentesco médio, havendo maior probabilidade de seleção de clones potenciais (Oliveira et al., 2008).

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral:

Seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos.

2.2 Objetivos específicos:

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

Selecionar híbridos superiores para a produção de bioenergia.

Definir estratégias para o melhoramento da espécie *Pennisetum purpureum* Schum no Norte Fluminense visando a obtenção de energia alternativa.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Aspectos gerais da cultura do capim-elefante

As plantas forrageiras são aquelas que formam as pastagens, sendo consumidas por animais, geralmente ruminantes, contribuindo com seu desenvolvimento e reprodução (Valle et al., 2009). As melhores forrageiras são as mais adaptadas às diversas condições edafoclimáticas e tornam-se recorde absoluto de distribuição geográfica, sendo encontradas em diferentes altitudes e latitudes (Lopes, 2004). As forrageiras que mais se destacam para formação de pastagens no mundo tropical são as dos gêneros *Panicum*, *Brachiaria* e *Pennisetum*.

O capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.), uma das mais difundidas espécies forrageiras tropicais (Reis et al., 2008), pertence à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Paniceae, gênero *Pennisetum* L. Rich, apresentando mais de 140 espécies (Silva, 2011), que abrange espécies forrageiras cultivadas por todo território nacional.

Ele apresenta-se como uma típica gramínea perene nativa da África tropical, comum nos vales férteis, entre as latitudes de 10º norte e 10º sul, com precipitação anual superior a 1,000 mm (Pereira et al., 2008). Foi descoberta pelo Coronel Napier, em 1905, e propagou-se por toda a África; posteriormente, em 1920, foi introduzida no Brasil, vindo de Cuba (Lima et al., 2010).

O capim-elefante foi utilizado inicialmente no Brasil apenas como alimento para o gado, devido ao seu alto potencial de produção e à adequada qualidade forrageira (Pereira et al., 2001). Por apresentar alta versatilidade de utilização, boas condições de adaptabilidade ao clima e ao solo (Pereira et al., 2008), produtividade elevada aliada à qualidade da biomassa, esta espécie possui características morfológicas e químicas relevantes para ser usada na produção de energia renovável, podendo superar outras espécies utilizadas com esse intuito (Morais et al., 2009), como por exemplo cana-de-açúcar e eucalipto.

Em 1827, foi realizada sua descrição original (Tcacenco e Botrel, 1997), porém houve modificações ao longo do tempo. A espécie encontra-se difundida em todas as regiões brasileiras, crescendo bem desde o nível do mar até altitudes de 2,200 m, entre temperaturas de 18 °C a 30 °C e precipitação de 800 mm a 4,000 mm (Lima et al., 2010).

Por ser uma espécie estacional, é no período das águas que ocorre sua maior produção, cerca de 70%-80% e, em estações mais secas. Esta forrageira apresenta baixa tolerância, atravessando esse período com baixa produção (Instituto Hórus, 2017). A espécie adapta-se a diversos tipos de solo, excedendo solos mal drenados, podendo chegar a atingir mais de cinco metros de altura (Vitor, 2006).

Além disso, o *P. purpureum* apresenta crescimento rápido (aceitando até quatro cortes anuais), é economicamente viável, pode ser plantado em áreas menores de terra e apresenta uma taxa de fibra elevada, demonstrando vantagens em relação a outras espécies (Quesada et al., 2004).

3.2 Importância socioeconômica do capim-elefante e sua utilização como fonte alternativa de energia

O capim-elefante está entre as forrageiras mais empregadas nos sistemas intensivos de produção animal, o que faz dele uma das mais importantes forrageiras do mundo (Pereira, 1994). Por sua alta produtividade e qualidade nutritiva, o capim-elefante vem sendo considerado uma das forrageiras tropicais mais promissoras para utilização em sistemas de intensificação da produção de leite e pasto (Silva et al., 2017).

Estudos com o capim-elefante têm apontado variedades que apresentam estabilidade às condições ambientais e ao sistema de manejo empregado, o que afeta o desempenho produtivo da biomassa (Daher et al., 2003; Cunha et al., 2013). Por se tratar de uma forrageira tolerante às condições climáticas desfavoráveis, como seca e frio, ela é adaptada à maioria das regiões do País, desde as tropicais até as regiões de clima subtropical (Nascimento et al., 2008).

Seu uso mais frequente ocorre em regime de corte (capineiras), podendo o capim ser utilizado também para silagem (Monteiro et al., 2011), feno, pastejo rotacionado e biomassa energética.

Para fins energéticos, o manejo do capim-elefante deve ser distinto do empregado para nutrição animal, pois o interesse é que seja uma planta rica em fibras e lignina, com alta relação C:N, elevada produção de matéria seca e alto poder calorífico, para que a biomassa gerada seja de adequada qualidade (Oliveira et al., 2013). Segundo Freitas et al. (2018), quando utilizado para fins energéticos, os intervalos de corte devem ser maiores (oito a nove meses) que os utilizados para nutrição animal.

Vale ressaltar que a produção de biomassa de capim-elefante varia de acordo com o genótipo, época de cultivo, disponibilidade de nutrientes, tipo de solo, precipitação pluvial, temperatura e radiação solar, sendo que, no Brasil, o principal fator climático responsável pela estacionalidade é a queda de temperaturas durante o inverno (Flores et al., 2013).

Em seu trabalho com capim-elefante, Rocha et al. (2015) observaram que existe correlação positiva e direta entre as principais variáveis avaliadas em trabalhos envolvendo a cultura. Foi verificado que a variável produção de matéria seca está correlacionada com número de perfilhos, altura de plantas e diâmetro do colmo, e que número de perfilhos apresenta efeitos diretos sobre produção de matéria seca, com uma correlação de 1,44, o que indica grande contribuição para o aumento do PMS. Dessa forma, para os principais caracteres de importância agrônômica, como produção de matéria seca e número de perfilhos, o germoplasma desta espécie apresenta grande variabilidade (Pereira et al., 2008).

Apesar de sua importância econômica, o número de cultivares existentes de capim-elefante no mercado é pequeno. Algumas cultivares como Napier, Cameroon, Mercker e Roxo foram obtidas no centro de diversidade da espécie, no continente africano (Freitas, 2008). Apenas dez materiais oriundos de

programas de melhoramento encontram-se registrados no Registro Nacional de Cultivares do Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Quatro dessas cultivares foram desenvolvidas pela EMBRAPA (BRS Canará, BRS Capiáçu, BRS Coronel e BRS Kurumi) e seis, pela EPAGRI (Empasc 305, Empasc 306, Empasc 307, Empasc 308, Empasc 309 e Empasc 310) (MAPA, 2017).

3.3 Melhoramento genético do capim-elefante

Em 1920, foi introduzida no Brasil a forrageira capim-elefante, quando foram trazidas de Cuba estacas da cultivar Napier para o Estado de São Paulo (Granato, 1924). Em seguida, foram feitos vários procedimentos isolados de introdução, o que veio a enriquecer o germoplasma da espécie com outros genótipos resultantes de programas de melhoramento (Rossi et al., 2014).

Os programas de melhoramento de capim-elefante estão, em sua maioria, direcionados para os caracteres agrônômicos de produção de matéria seca, maior produtividade, resistência à estiagem e a pragas, menor exigência em fertilizantes e desenvolvimento de cultivares precoces e tardias de certas variedades (Mazzarella, 2011) para obtenção de genótipos superiores, que serão sustentados por propagação vegetativa, resultando em uma população superior à original (Pereira et al., 2008). Dessa forma, o seu melhoramento pode ser dirigido para a obtenção de genótipos, teste de progênie, seleção clonal (Rocha et al., 2015).

Na cultura do capim-elefante, as cultivares são representadas por um conjunto de indivíduos idênticos, denominados clones, que se originam da reprodução assexuada de uma planta altamente heterozigótica. Já a família refere-se ao conjunto de indivíduos ou clones pertencentes ao mesmo cruzamento, podendo ser um cruzamento biparental ou por polinização livre ou mistura de pólen, gerando famílias de irmão completos e famílias de polinização livre ou meios-irmãos (Peixoto, 2009), respectivamente.

Cruzamentos entre genitores, seguidos de seleção individual ou clonal, constituem um procedimento clássico nos programas de melhoramento de espécies de propagação vegetativa. Esse método é praticado de forma sequencial, iniciando-se com a seleção de plantas individuais, as quais são clonadas para serem avaliadas em parcelas de várias repetições e assim subsequentemente, até a obtenção de clones elites (Peixoto, 2009).

Segundo Skinner et al. (1987), quando se seleciona com base em experimento em um só local e geração clonal, muitos erros devido à interação genótipo x ambiente e genótipo x geração clonal estão sujeitos a ocorrer com a seleção clonal. Esses autores ainda explicam que, com a seleção individual, cerca de 80% da variação deve-se a fatores ambientais e apenas 20% a fatores genéticos, tornando-se assim pouco eficiente.

Sendo assim, a seleção de famílias tem sido adotada em alguns programas de melhoramento, como cana-de açúcar (Xavier et al., 2014), batata (Ribeiro et al., 2014), eucalipto, (Rosado et al., 2009), capim-elefante (Rodrigues et al., 2017) como método de seleção indireta de clones superiores em populações segregantes.

O teste de progênie, método de seleção amplamente utilizado no melhoramento de plantas, pode ser considerado como uma forma de seleção de famílias, uma vez que o critério de seleção, como o próprio nome implica, é o valor médio da progênie de um indivíduo (Falconer & Mackay, 1997).

Quando se fala em estudos de famílias, uma vantagem é a possibilidade de inferir sobre os valores genéticos dos genitores utilizados nos cruzamentos com base no desempenho de suas respectivas progênies. Dessa forma, os melhores genitores poderiam ser explorados em cruzamentos preferenciais (Xavier et al., 2014).

Espera-se que a seleção de famílias para a maioria de caracteres de importância econômica seja efetiva, pois 75% a 80% da variação fenotípica entre as famílias são devido a fatores genéticos (Bressiani, 2001). Entretanto, vale ressaltar que a seleção de famílias só será mais eficiente do que a individual se ocorrer uma alta correlação genética entre o desempenho das famílias e o do seus clones.

Na seleção de famílias, valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam a média das famílias. Em outras palavras, aos desvios dentro da família são dados pesos zero (Falconer & Mackay, 1997). A seleção, mais generalizadamente, pode ser feita de forma sequencial, entre e dentro ou combinada.

No entanto, selecionar indivíduos ou progênies não é uma tarefa simples, já que caracteres quantitativos, como número de frutos, altura de plantas e produção, são influenciados pelo ambiente e podem estar inter-relacionados com

outros, que não são interessantes para o melhoramento de plantas (Cruz et al., 2014).

Para ampliar os ganhos genéticos advindos da seleção, a seleção combinada entre e dentro é eficaz por priorizar o mérito individual, simultaneamente com informações adicionais relativas aos valores da sua respectiva família, dando maior acurácia ao processo seletivo (Cruz et al., 2014).

Na metodologia de seleção entre e dentro de famílias, selecionam-se as famílias superiores e também indivíduos superiores dentro de cada família (Silva et al., 2017). Portanto, a seleção de famílias aumenta a probabilidade de identificar genótipos superiores e, assim, aprimorar a eficiência do uso dos recursos disponíveis para condução do programa de melhoramento (Cruz et al., 2012).

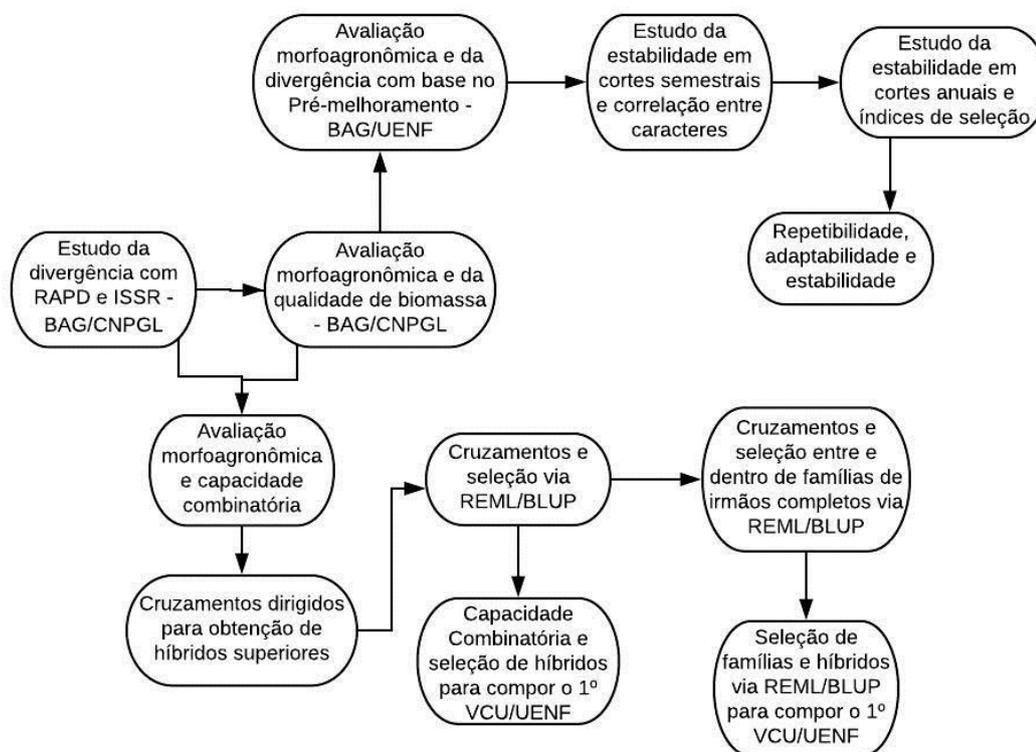
Ela é mais indicada quando boa parte dos caracteres para a seleção apresenta coeficientes de herdabilidade de valores estimados como baixos. Deste modo, a seleção por famílias tende a propiciar ganhos maiores, já que aumenta consideravelmente os valores dos coeficientes de herdabilidade (Gonçalves et al., 2007).

A seleção de famílias por meio de modelos mistos REML/BLUP é uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos, em que haveria maior probabilidade de seleção de clones potenciais (Oliveira, et al., 2008).

No Brasil, a maioria dos estudos envolvidos com o melhoramento genético do capim-elefante são voltados para a sua utilização na alimentação animal, e são poucos os profissionais que pesquisam sobre sua atuação para fins energéticos; por essa razão, o número de estudos acerca do tema ainda é pequeno. Esses estudos são necessários, visto que o capim-elefante possui propriedades favoráveis às condições climáticas do País (temperatura, precipitação, altitude), e as extensas áreas existentes podem propiciar o cultivo da espécie (Oliveira et al., 2013).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) apresenta um Banco Ativo de Germoplasma (BAG/UENF) com 86 genótipos de capim-elefante provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa-CNPGL e vem realizando diversos estudos com a cultura tanto para fins de forragem quanto para produção de bioenergia. O Fluxograma 1 mostra um

resumo dos estudos realizados pelo programa de Melhoramento Genético Vegetal da UENF até 2017.



Fluxograma 01 - Programa de Melhoramento Genético Vegetal com capim-elefante na UENF.

O programa de melhoramento teve início em 2010, quando Lima et al. (2011) realizaram um estudo da diversidade genética entre 46 clones de capim-elefante doados pelo banco ativo de germoplasma da Embrapa Gado de Leite-CNPGL, com o objetivo de caracterizar molecularmente os acessos e de identificar possíveis duplicatas. A autora concluiu que existe alta variabilidade entre os acessos indicando não haver duplicatas.

Ainda em 2010, Rossi et al. (2014) avaliaram 52 genótipos, também doados pelo banco ativo da Embrapa-CNPGL, com o intuito de analisar as características morfoagronômicas e da qualidade de biomassa, e observaram que indivíduos mais produtivos e que geram elevado número de perfilhos tendem a apresentar maiores teores de matéria seca, celulose e nitrogênio. Os autores verificaram também que plantas que perfilham menos, com maior diâmetro e mais altas, associaram-se a plantas com altos teores de matéria seca, componentes

fibrosos e poder calorífico, porém com menores teores de nitrogênio. Sendo assim, os genótipos que se mostraram mais promissores para serem indicados e utilizados em programas de melhoramento genético para a produção de bioenergia foram: Napier, Guaçu I/Z.2, P-241-Piracicaba, Pasto Panamá, Cameroon e Mercker 86 - México. Estes dois trabalhos foram a base para dar seguimento ao programa de melhoramento.

A partir das informações obtidas pelos trabalhos anteriores, e com a doação de mais 28 genótipos da Embrapa-CNPLG, Schneider (2013) avaliou 80 genótipos por meio de atividades de pré-melhoramento, com o propósito de identificar materiais que melhor se adaptassem às condições edafoclimáticas de Campos dos Goytacazes e concluiu que, para a característica produtividade de matéria seca, os genótipos que se destacaram foram Elefante da Colômbia, Taiwan A-25, Albano, Híbrido Gigante da Colômbia, Elefante de Pinda, Taiwan A-121, P241 Piracicaba, Guaçu/I.Z.2, CPAC, EMPASC 309, EMPASC 307, Australiano e Pasto Panamá, compondo o grupo elite.

Em seguida, Sousa (2013) realizou estudo morfoagronômico com 25 genótipos de capim-elefante e estimaram a capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores e a capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos com base nas características morfoagronômicas e na qualidade da biomassa. Levando em consideração a produtividade, os autores concluíram que os genótipos Porto Rico 534-B, BAG-86, Vruckwona, Porto Rico 534- B e Taiwan A-146 apresentam-se como os mais promissores. Já para a melhorar a qualidade da biomassa, os genótipos Taiwan A-144 e o Napier nº 2 foram indicados.

Em 2014, Menezes et al. (2015) realizaram cruzamentos dirigidos entre acessos de capim-elefante para obtenção das combinações híbridas entre genótipos promissores. Cinquenta e um acessos de capim-elefante, provenientes do banco de germoplasma da Embrapa Gado de Leite, Coronel Pacheco, MG, foram a base para a escolha dos melhores genitores para compor o dialelo parcial. Os genitores femininos, masculinos e uma testemunha foram selecionados com base nos trabalhos de Lima et al. (2011) e Rossi et al. (2011). Das combinações obtidas, foi concluído que os híbridos H1 (Cubano Pinda x Mercker), H7(Cameroon – Piracicaba x Três Rios), H8 (Cameroon – Piracicaba x Mercker 86-México), H17 (IAC-Campinas x Três Rios), H18 (IAC-Campinas x

Mercker 86-México) e H25 (Guaçu IZ.2 x Roxo) apresentaram-se promissores para a seleção de clones com maior produção de biomassa energética.

Rocha et al. (2015) compararam ou métodos de estabilidade em 73 genótipos do BAG/UENF, com o objetivo de estimar a interação genótipos por ambientes (cortes semestrais) para produção de biomassa, e prosseguiram com a avaliação da correlação entre os caracteres quantitativos em capim-elefante. Os autores concluíram que os genótipos que se mostraram mais promissores para usos possíveis foram King Grass, Taiwan A-46, Porto Rico 534-B, Gigante de Pinda, Australiano e Guaçu/IZ. Em relação às correlações genéticas envolvendo a produção de matéria seca para o melhoramento de capim-elefante e considerando os genótipos estudados, foi verificado que essa variável está correlacionada positiva e diretamente com número de perfilhos, altura de plantas e diâmetro do colmo.

Utilizando dez genótipos de capim-elefante previamente selecionados com base em estudos para produção de biomassa, realizados por Rossi et al. (2014), bem como na divergência genética estudada por Lima et al. (2011), Rodrigues et al. (2017) realizaram cruzamentos controlados em delineamento genético dialelo circulante para obtenção de uma população com o objetivo de selecionar genótipos de capim-elefante via modelos mistos (REML/BLUP) para produção de bioenergia. A partir desses dados, foi concluído que a família Capim Cana D'África x Guaçu/I.Z.2 reuniu o maior número de indivíduos potenciais para as variáveis altura de planta, diâmetro de colmo, produção de biomassa verde e produção de biomassa seca. O indivíduo 5 da família Cana D'África x Guaçu/I.Z.2, dos blocos 1 e 2, apresenta melhor desempenho para produção de biomassa seca.

Silva et al. (2018) também realizaram cruzamentos dirigidos entre acessos de capim-elefante para obtenção das combinações híbridas entre genótipos promissores. Oito acessos de capim-elefante pertencentes ao BAG/UENF foram a base para a escolha dos genitores femininos e masculinos, sendo selecionados segundo trabalho de Lima et al. (2011). Com o objetivo de estimar parâmetros e valores genéticos, selecionar famílias e indivíduos dentro famílias para fins energéticos utilizando modelos mistos, Silva et al. (2018) concluíram que a melhor família foi a 3 (IJ7179 x BAG 86), e as plantas de nº 5 da família 1 do bloco 2 e nº 3, família 2 do bloco 3 tiveram o melhor desempenho.

A interação genótipo x cortes anuais foi avaliada por Araújo (2016) com 86 genótipos provenientes da Embrapa-CNPLG com o objetivo de identificar genótipos que reunissem simultaneamente atributos favoráveis para a produção energética. O autor observou que os genótipos indicados como de maior potencial para produção de biomassa para fins energéticos foram Taiwan A-144, Cameroon-Piracicaba, Guaçu/I,Z,2, Mineirão IPEACO, IJ7125 cv EMPASC308 e 903-77.

Setenta e três genótipos de capim-elefante do BAG/UENF foram estudados por Souza (2017) a fim de selecionar genótipos com elevada produtividade, adaptabilidade e estabilidade sob regime de cortes semestrais. Os genótipos Gramafante, Taiwan A-46, Gigante de Pinda, Três Rios, Guaçu/I.Z.2, Taiwan A-121, IJ7125 cv EMP. 308, Vruckwona Africano, Duro de Volta Grande, 03 AD IRI e Napierzinho destacaram-se por reunir, simultaneamente, elevada produtividade, ampla adaptabilidade e estabilidade de desempenho.

Recentemente estão sendo realizados estudos que dão continuidade aos trabalhos de Rodrigues et al. (2017) e Silva et al. (2018), com o intuito de selecionar híbridos superiores para compor o primeiro ensaio de Valor de Cultivo de Uso (VCU) da Universidade.

3.4 Metodologia REML/BLUP na seleção de plantas perenes

Nos programas de melhoramento genético, é indispensável a utilização de metodologias específicas que expliquem fielmente a herdabilidade dos genitores a serem selecionados, derivando em plantas sucessoras produtivas. Para isso, a adoção de métodos precisos de seleção, além da variabilidade genética, é muito importante (Resende & Duarte., 2007).

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

A importância das estimativas de parâmetros genéticos por meio do REML em uma determinada população consiste em obter informações para

nortear as estratégias de melhoramento, que devem ser empregadas visando obter êxito com a seleção. Segundo Pinto et al. (2013), as estimativas da variância genotípica e do coeficiente de herdabilidade são os parâmetros mais importantes para a quantificação do potencial de melhoramento da população.

Conforme Pandolfi Filho et al. (2016), o ganho com a seleção pode ser obtido facilmente a partir dos BLUP dos híbridos, visto que estes denotam os valores genotípicos estimados, isto é, já ajustados para os efeitos de ambiente. De acordo com Maia et al. (2014), quando os cruzamentos são feitos com parentais geneticamente divergentes e/ou indivíduos que apresentam superioridade *per se* para as características-alvo, a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos por meio da variância genética aumenta, favorecendo o surgimento de segregantes superiores mediante boa complementariedade gênica.

Segundo Resende (2007), a metodologia BLUP proporciona o ordenamento dos genótipos potenciais para seleção explorando toda a variação genotípica entre e dentro de famílias, porém, para cada caráter analisado individualmente.

A predição de valores genéticos admite que os componentes de variância sejam conhecidos na população-base não selecionada. Todavia, na prática, não se conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o método da máxima verossimilhança restrita (REML), os quais interagem nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP (Viana & Resende, 2014).

As principais vantagens do REML/BLUP são: possibilidade de correção simultânea dos efeitos ambientais; possibilidade de comparar indivíduos ou variedades ao longo do tempo e espaço; possibilidade de trabalhar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos) de estimação de componentes de variância e de predição de valores genéticos; aplicabilidade a dados desbalanceados; e geração de estimativas e de predições mais concisas (Silva et al., 2017).

Outra vantagem relevante é a possibilidade de fazer a predição de efeitos aleatórios na presença de efeitos fixos (Resende, 2002). Essas vantagens certamente são importantes para o melhoramento de plantas perenes, uma vez que os conjuntos de dados que antes não podiam ser usados passaram a ser

aproveitados, admitindo maior precisão na seleção, logo, maiores ganhos genéticos (Quintal et al., 2017).

A metodologia REML/BLUP tem sido utilizada com sucesso no melhoramento genético vegetal de várias culturas como, por exemplo, milho-pipoca (Freitas et al., 2013), mamão (Vivas et al., 2014), eucalipto (Miranda et al., 2015), capim-elefante (Santos et al., 2015; Silva et al., 2017), café Conilon (Carias et al., 2016), maracujá (Ferreira et al., 2016), entre outras.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Local da condução do experimento

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

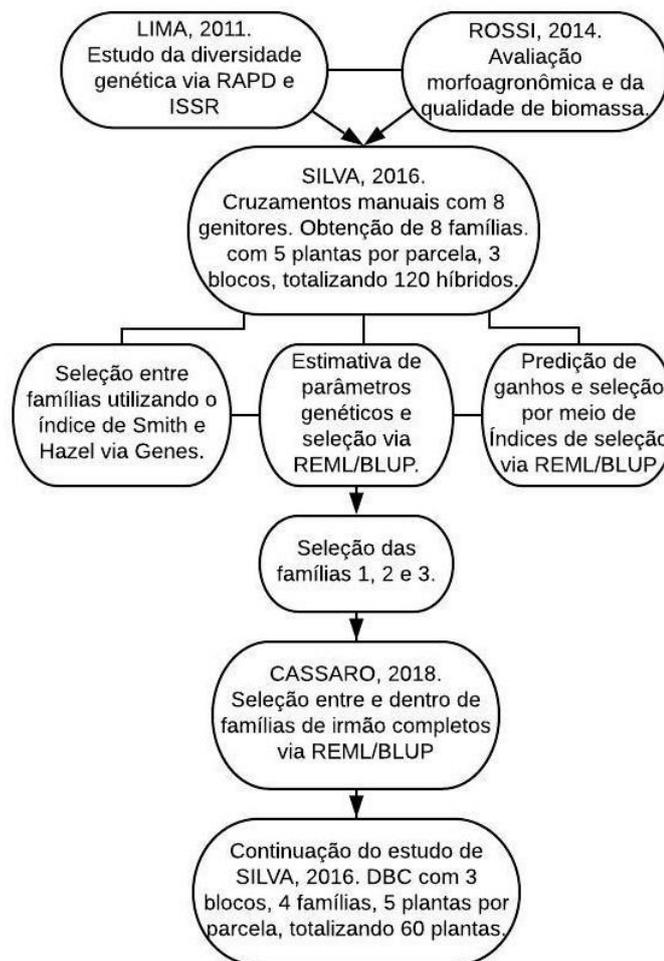
O clima da Região Norte Fluminense é do tipo Aw, tropical quente e úmido, com período seco no inverno e chuvoso no verão (Köppen, 1948), com precipitação anual média em torno de 1.152 mm (INMET, 2018).

O solo da área experimental é caracterizado como Argissolo distrófico (Santos et al., 2013) e apresentou na camada de 0-20 cm de profundidade as seguintes características: pH (água) 5,5; P (mg dm⁻³) 18; K(mg dm⁻³) 83; Ca (c mol c dm⁻³) 4,6; Mg (c mol c dm⁻³) 3,0; Al (c mol c dm⁻³) 0,1; H + Al (c mol c dm⁻³) 21,2 (Silva et al., 2017).

4.2 Material de estudo

O presente estudo dá continuidade ao trabalho realizado por Silva et al. (2017). O Fluxograma 2 explica os passos realizados até o presente trabalho, e

quais serão os próximos passos para dar seguimento ao experimento em questão.



Fluxograma 2 - Resumo do trabalho realizado por Silva et al. (2017) e sua continuação.

Silva et al. (2017) realizaram cruzamentos conduzidos entre oito genótipos de capim-elefante para obtenção das combinações híbridas promissoras. Na presente pesquisa, foram utilizadas as quatro melhores famílias obtidas por Silva et al. (2017) em seus cruzamentos, com o objetivo de selecionar tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos dentro de famílias, para dar prosseguimento ao programa de melhoramento.

A Tabela 1 apresenta a identificação dos genótipos utilizados nos cruzamentos para obtenção dessas quatro famílias, bem como os híbridos obtidos. Os genótipos de capim-elefante pertencentes ao BAG/UENF foram a base para a escolha dos genitores femininos e masculinos, que foram

selecionados com características de interesse como florescimento tardio, alta produção de matéria seca e maior diâmetro do colmo (Lima et al., 2011; Rossi et al., 2014).

Tabela 01: Identificação dos genótipos utilizados nos cruzamentos intraespecíficos e os indivíduos gerados para obtenção de famílias de irmãos-completos (FIC) de capim-elefante.

Genótipo		Procedência					
IJ 7139	Cameroon	EPAGRE – Itajaí – SC					
Cubano Pinda	BAG-86	ESALQ – Piracicaba					
Capim Cana D'África		UFRRJ – Seropédica – RJ					
		-					
		IPEACS Linhares – ES					
Cruzamento		FIC					
IJ 7139 x Cameroon		1					
IJ 7139 x Cubano Pinda		2					
IJ 7139 x BAG-86		3					
IJ 7139 x Capim Cana D'África		4					
Ind.	Planta	Família	Bloco	Ind.	Planta	Família	Bloco
1	1	1	1	31	1	3	2
2	2	1	1	32	2	3	2
3	3	1	1	33	3	3	2
4	4	1	1	34	4	3	2
5	5	1	1	35	5	3	2
6	1	2	1	36	1	4	2
7	2	2	1	37	2	4	2
8	3	2	1	38	3	4	2
9	4	2	1	39	4	4	2
10	5	2	1	40	5	4	2
11	1	3	1	41	1	1	3
12	2	3	1	42	2	1	3
13	3	3	1	43	3	1	3
14	4	3	1	44	4	1	3
15	5	3	1	45	5	1	3
16	1	4	1	46	1	2	3
17	2	4	1	47	2	2	3
18	3	4	1	48	3	2	3
19	4	4	1	49	4	2	3
20	5	4	1	50	5	2	3
21	1	1	2	51	1	3	3
22	2	1	2	52	2	3	3
23	3	1	2	53	3	3	3
24	4	1	2	54	4	3	3
25	5	1	2	55	5	3	3
26	1	2	2	56	1	4	3
27	2	2	2	57	2	4	3
28	3	2	2	58	3	4	3
29	4	2	2	59	4	4	3
30	5	2	2	60	5	4	3

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

4.3 Delineamento experimental

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com três repetições, sendo cada bloco composto de quatro famílias de irmãos completos (FIC). A parcela foi composta de cinco plantas espaçadas de 1 m entre e dentro das linhas, totalizando 60 plantas.

Foram realizados quatro cortes de avaliação, com uma variação de 8 a 12 meses entre um corte e outro, período esse recomendado para produção de biomassa (Oliveira et al. 2015). O corte 1 realizou-se no mês de dezembro/14 (12 meses), o corte 2 foi feito no mês de agosto/15 (8 meses), o terceiro corte foi realizado em maio/16 (9 meses) e o último corte deu-se em fevereiro/17 (10 meses).

4.4 Características avaliadas

Foram avaliadas as características morfoagronômicas de cada corte, conforme descrição a seguir:

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

Foram pesados, na área experimental, os perfilhos provenientes das cinco plantas individuais. Após a pesagem, amostras de dois perfilhos foram coletadas, processadas em picadeira e embaladas em sacos de papel. Esses materiais (folhas e colmos) de cada parcela, pesados e devidamente identificados, foram secos em estufa de ventilação forçada a 65°C por 72 horas. Em seguida, as amostras, novamente pesadas, foram utilizadas para obtenção da amostra seca ao ar (ASA), de acordo com a metodologia descrita por Silva &

Queiroz (2002). O material seco (folha e colmo) foi moído em moinho tipo Willey com peneira de 1 mm e acondicionado em sacos plásticos para a determinação da amostra seca em estufa (ASE). Para tal, 2g de cada material moído foram mantidas em estufa a 105°C por 12 horas e, posteriormente, novamente pesadas; e, a partir disso, obteve-se a variável %MS.

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

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

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

e) Número de perfilhos por metro linear (NP) – realizada por meio da contagem individual do número de perfilhos nas cinco plantas dentro da parcela.

Dentre as variáveis analisadas neste trabalho, produção de matéria seca e número de perfilhos são as que apresentam maior importância quando o objetivo é aumento da produção de bioenergia. Desta forma, os esforços são concentrados para selecionar o maior número de famílias superiores e, conseqüentemente, maior probabilidade de identificar indivíduos superiores para produção de biomassa. Assim, PMS e NP serão utilizadas como critérios prioritários de seleção.

4.5 Análises genético-estatísticas - Metodologia REML/BLUP

As análises de estimativas dos componentes de variância e predição dos ganhos genéticos via REML/BLUP foram realizadas pelo programa Selegen (Resende, 2007), utilizando o modelo estatístico 147, o que representa a real estrutura genética das progênies analisadas. Este modelo é destinado para avaliação de indivíduos em progênies de irmãos completos de plantas alógamas. O modelo utilizado foi:

$$y = Xr + Zg + Wp + e,$$

em que:

y é o vetor de dados;

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

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

p é o vetor dos efeitos de parcela;

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

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

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

V_g : variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia;

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas;

V_f : variância fenotípica individual;

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

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

A_{prog} : acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa;

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

A análise de deviance (ANADEV), utilizada neste estudo, foi realizada para cada corte de avaliação, e é similar à análise de variância (ANOVA), porém empregou-se o teste da razão de verossimilhança (LRT), que permite a análise de dados desbalanceados, com maior precisão, dos componentes da variância e acurácia dos valores genéticos em relação à ANOVA, pois trabalha com valores genotípicos e não fenotípicos, e a significância foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um grau de liberdade.

Além disso, o método REML permite lidar com a situação de tratamentos correlacionados, comum no melhoramento genético, o que não acontece com a ANOVA, que supõem a independência dos erros a dos efeitos de tratamento (Resende, 2006).

Para obtenção do ganho genético por meio do BLUP, foi estabelecida uma intensidade de seleção (k) igual a 10%, que permitiu selecionar seis indivíduos para cada característica, que obtiveram desempenho superior à média geral do experimento nos quatro cortes simultaneamente. Destes, os dez melhores foram selecionados. O ganho genético obtido tanto pelas famílias quanto pelos indivíduos é obtido pela seguinte equação:

$$G_s = \frac{k \cdot \widehat{\sigma}_f \cdot h^2}{\overline{X}_o}$$

Em que:

G_s = Ganho de seleção;

K = Intensidade de seleção;

$\widehat{\sigma}_f$ = Desvio padrão fenotípico;

h^2 = Herdabilidade no sentido restrito;

\overline{X}_o = Média da população original.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Estimativa de parâmetros genéticos - REML

Na Tabela 2, constam os valores das deviances para as variáveis deste estudo. Observa-se que, para todas as características, não se constatou diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado a 5% de probabilidade, indicando que, para essas variáveis, especialmente PMS e NP, qualquer um dos clones aqui estudados pode ser recomendado para cultivos.

Em contrapartida, Rodrigues et al. (2017) encontraram diferenças significativas entre os genótipos de capim-elefante para os caracteres número de perfilhos, altura de plantas, diâmetro de colmos, produção de matéria seca, denotando presença de variabilidade genética na população avaliada. Pandolfi Filho et al. (2016), em seu estudo com *Brachiaria* spp., também encontraram efeito altamente significativo entre os tratamentos para a característica produção de matéria seca total.

Tabela 2: Valores de Deviance (ANADEV) para as quatro variáveis nos quatro cortes em 60 híbridos de capim-elefante.

CORTE 1									
Efeito	PMS		NP		ALT		DC		LRT (x^2)
	DEV	LRT (x^2)							
Genótipos	422.45 ⁺	0 ^{ns}	371.01 ⁺	0 ^{ns}	-57.43 ⁺	0 ^{ns}	147.65 ⁺	0,54 ^{ns}	
Parcela	423.17 ⁺	0.72 ^{ns}	373.67 ⁺	2.66 ^{ns}	-57.43 ⁺	0 ^{ns}	147.11 ⁺	0 ^{ns}	
M.completo	422.45		371.01		-57.43		147.11		
CORTE 2									
Efeito	PMS		NP		ALT		DC		LRT (x^2)
	DEV	LRT (x^2)							
Genótipos	402.32 ⁺	0.87 ^{ns}	365.67 ⁺	1,45 ^{ns}	-23.43 ⁺	1.49 ^{ns}	98.23 ⁺	0.1 ^{ns}	
Parcela	401.46 ⁺	0,1 ^{ns}	364.23 ⁺	0.1 ^{ns}	-21.94 ⁺	1.55 ^{ns}	99.22 ⁺	0,99 ^{ns}	
M.completo	401.45		364.22		-23.49		98.22		
CORTE 3									
Efeito	PMS		NP		ALT		DC		LRT (x^2)
	DEV	LRT (x^2)							
Genótipos	500.79 ⁺	0 ^{ns}	394.01 ⁺	0 ^{ns}	37.63 ⁺	0 ^{ns}	172.99 ⁺	0.9 ^{ns}	
Parcela	502.65 ⁺	1.86 ^{ns}	395.43 ⁺	1.42 ^{ns}	37.63 ⁺	0 ^{ns}	173.51 ⁺	0.61 ^{ns}	
M.completo	500.79		394.01		37.63		172.90		
CORTE 4									
Efeito	PMS		NP		ALT		DC		LRT (x^2)
	DEV	LRT (x^2)							
Genótipos	399.50 ⁺	0 ^{ns}	350.86 ⁺	2.19 ^{ns}	-56.29 ⁺	-0.5 ^{ns}	185.62 ⁺	0 ^{ns}	
Parcela	399.68 ⁺	0.18 ^{ns}	348.67 ⁺	0 ^{ns}	-54.14 ⁺	-2.2 ^{ns}	185.68 ⁺	0.6 ^{ns}	
M.completo	399.50		348.67		-56.34		185.62		

Qui-quadrado (x^2) tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5 e 1%, respectivamente.

⁺ deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos.

^d distribuição com 1 grau de liberdade.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características avaliadas encontram-se na Tabela 3. Observa-se que a variância genética (V_g) é maior para os atributos de produção de matéria seca e número de perfilhos (PMS e NP), características estas consideradas de maior interesse econômico (Silva et al., 2018).

Tabela 3: Estimativa dos parâmetros genéticos via REML para os quatro cortes realizados em 60 genótipos de capim-elefante para os caracteres produção de matéria seca (PMS), número de perfilhos (NP), altura de planta (ALT) e diâmetro de colmo (DC).

Corte	Parâmetros	PMS	NP	ALT	DC
1	V_g	0,642809	0,472038	0,000047	0,238724
	V_{parc}	50,73027	43,68435	0,000284	0,027063
	V_f	537,921	230,6154	0,114919	4,262485
		0,0023 +-	0,0040 +-	0,0008 +-	0,1120+-
	h^2_a	0,0252	0,0333	0,0148	0,1728
	h^2_{mp}	0,012859	0,017187	0,006082	0,464271
	AC_{prog}	0,113397	0,131101	0,077989	0,681374
	h^2_{ad}	0,001321	0,002532	0,000413	0,05973
	Méd. Geral	61,20098	35,04167	3,106333	15,018
2	V_g	26,92799	25,65741	0,006789	0,017776
	V_{parc}	1,828112	2,137219	0,037086	0,241681
	V_f	373,0758	202,6392	0,227909	1,862754
		0,1443 +-	0,2532 +-	0,0595 +-	0,0190 +-
	h^2_a	0,1962	0,2599	0,1260	0,0713
	h^2_{mp}	0,533312	0,674731	0,216069	0,086617
	AC_{prog}	0,730282	0,82142	0,464832	0,294307
	h^2_{ad}	0,078206	0,146744	0,036889	0,011087
	Méd. Geral	58,52017	28,24167	3,500167	12,94
3	V_g	221,5584	32,10597	0,001355	0,218681
	V_{parc}	5,696398	1,274055	0,005651	0,686198
	V_f	2175,67	332,9068	0,609809	6,883774
		0,2036 +-	0,1928 +-	0,0044 +-	0,0635 +-
	h^2_a	0,2333	0,2268	0,0344	0,1302
	h^2_{mp}	0,62702	0,611553	0,031211	0,258487
	AC_{prog}	0,791846	0,782018	0,176666	0,508416
	h^2_{ad}	0,113712	0,107189	0,002248	0,036576
	Méd. Geral	69,1708	30,675	3,535	15,09917
4	V_g	2,864749	65,85234	0,00351	0,007085
	V_{parc}	46,821674	2,290163	0,026067	0,342054
	V_f	928,1515	371,9012	0,114642	12,77216
		0,0061 +-	0,3541 +-	0,0612 +-	0,0011 +-
	h^2_a	0,0432	0,3277	0,1361	0,0183
	h^2_{mp}	0,037187	0,758088	0,196434	0,007464
	AC_{prog}	0,192839	0,870683	0,443209	0,086392
	h^2_{ad}	0,003261	0,216792	0,041266	0,00057
	Méd. Geral	60,40414	38,37353	2,771774	16,36285

V_g : variância genotípica entre progênies de irmãos germanos; V_{parc} : variância ambiental entre parcelas; V_f : variância fenotípica individual; $h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; AC_{prog} : acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela.

A medida de um caráter nos ensaios de campo se refere ao seu valor fenotípico, composto do efeito genético, do efeito do ambiente e da interação desse genótipo num ambiente específico, ou seja, o somatório das variâncias genotípica e residual entre as parcelas e da interação GxE resulta na variância fenotípica individual (V_f) (Torres et al., 2015). Tais decomposições dos componentes de variância em genética, de ambiente e fenotípica são essenciais para o melhorista, com o intuito de auxiliar no direcionamento dos cruzamentos mais promissores para obtenção de maior variabilidade das progênes, assim como de identificar as possibilidades de ganho com seleção.

Com a separação das variâncias em percentuais para o caráter PMS, revelou-se que 0,11%, 7,21%, 10,18% e 0,30% da variação correspondente aos quatro cortes, respectivamente, é de natureza genética (V_g) entre os genótipos de capim-elefante, evidenciando a maior contribuição nos cortes 2 e 3, devido à variância de ambiente representar (V_{parc}) 0,49% e 0,26%, respectivamente. Na análise de NP, observa-se V_g de 0,20%, 12,66%, 9,64% e 17,70% entre os genótipos nos quatro cortes, respectivamente, sendo o corte 1 o mais influenciado pelo ambiente (18,94%).

Todas as características apresentaram valores satisfatórios de variância genética (V_g), sendo PMS e NP os caracteres com maior variação entre os avaliados nos quatro cortes do experimento; portanto, estes resultados refletem uma considerável variabilidade genética a ser explorada para fins de seleção, sobretudo para esses caracteres de grande importância econômica para a cultura. Para Pinto et al. (2013), quando apresenta valores positivos e diferentes de zero, a V_g indica a existência de variabilidade entre os genótipos e, conseqüentemente, a possibilidade de seleção das progênes superiores para cada característica avaliada.

O corte com maior influência ambiental foi o 4, sendo que altura de planta (ALT) contribuiu com 3,03% da V_g neste corte, indicando ser o caráter com maior influência de ambiente, uma vez que a V_{parc} foi de 22,77%; portanto, a seleção apenas com base nesse caráter não é satisfatória. Como pode ser observado na Figura 1, a precipitação que antecedeu o corte 4 foi baixa e mal distribuída entre os meses, e em alguns não ultrapassou de 25 mm, o que pode ter afetado o desenvolvimento dos híbridos nesse período, acarretando uma baixa produção.

variando apenas de baixa a média magnitude. Dessa forma, em face dos valores obtidos (0,006 e 0,007, respectivamente, nos cortes 1 e 4), a seleção de genótipos com base nos valores genotípicos preditos é possível, porém onerosa. Baixas estimativas de h^2_{mp} na primeira geração clonal de cana-de-açúcar também foram encontradas no trabalho de Pedrozo et al (2009).

A h^2_{mp} é estimada quando se utilizam médias dos blocos (Resende, 2007), as quais evidenciam bom controle genético na expressão de caracteres e indicam grande potencial para seleção dentro da espécie. Entre os caracteres avaliados, as estimativas de herdabilidade variaram de baixa a alta magnitude, considerando Resende (2002).

Valores altos desse coeficiente indicam que os caracteres foram pouco influenciados pelos efeitos de ambientes, o que pode ser comprovado com os elevados valores de V_g para as características PMS e NP nos cortes 2 e 3. Além do ambiente, as estimativas de herdabilidade são influenciadas pela natureza da característica avaliada, da população e da forma em que o fenótipo é mensurado (Falconer & Mackay, 1997). Portanto, pode-se acrescentar o fato da população ser composta por irmãos completos e os cortes terem sido realizados em idades diferentes, o que pode ter contribuído para as baixas herdabilidades encontradas.

Comparando-se a seleção individual, também denominada de seleção massal, com a seleção de famílias, verificou-se menor eficiência seletiva para ambos os caracteres, pois as suas respectivas herdabilidades individuais (h^2) foram inferiores às estimativas de herdabilidades em nível de médias de famílias no sentido amplo. Os altos valores de h^2_{mp} para as características PMS e NP observados nos cortes 2 e 3 permitiram também obter elevadas Ac_{prog} (0,73;0,82 e 0,79;0,78) para seleção entre famílias superiores. Oliveira et al. (2008), ao selecionarem famílias de cana-de-açúcar, também observaram que, para os caracteres número de perfilhos por touceira, massa média de colmo (kg) e toneladas de cana por hectare, as suas respectivas herdabilidades individuais foram inferiores às estimativas de herdabilidades em nível de médias de famílias no sentido amplo.

A partir dos dados obtidos, pode-se dizer que a população considerada apresenta condições ideais para a seleção com base nas características PMS e NP, indicando possibilidade de obtenção de ganhos genéticos significativos. Considera-se que entre os genótipos selecionados será aproveitada a dispersão

genética total (aditiva e de dominância) via processo de clonagem podendo ser esperada maximização dos ganhos genéticos.

Para Moraes et al. (2010), a propagação vegetativa, possível em algumas espécies, inclusive o capim-elefante, apresenta-se como um fator facilitador para o melhoramento, aumentando significativamente as possibilidades de obtenção de ganho em eficiência do processo seletivo.

5.2 Seleção de famílias e indivíduos — BLUP

A seleção de um maior número de indivíduos promissores para os caracteres de interesse torna-se mais efetiva quando se apoia na seleção de famílias com base no valor genotípico do cruzamento. A identificação de famílias superiores, ou seja, cujos valores genotípicos são superiores às médias gerais, é importante para a identificação e a seleção de indivíduos promissores (Resende & Barbosa, 2006). Assim, para cada caráter, apresentou-se o valor genotípico, o ganho e a nova média das quatro famílias, selecionadas duas, visando maximizar a probabilidade de selecionar indivíduos dentro das melhores famílias (Tabela 4).

As famílias foram classificadas por seu valor genotípico, além disso, foram classificadas as 15 melhores progênies entre as 4 famílias para cada atributo. Esse ranking individual foi feito pela média genotípica predita, que é o valor mais interessante do ponto de vista de ganho, por se trabalhar com uma cultura de propagação vegetativa.

Tabela 4: Seleção das quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos quatro cortes para os quatro atributos avaliados PMS, NP, ALT e DC.

PMS									
Corte 1					Corte 2				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	g	Ganho	Nova méd.
1	1	0,0332	0,0332	61,2341	1	3	2,9003	2,9003	61,4205
2	3	0,0263	0,0297	61,2307	2	1	2,6789	2,7896	61,3098
3	2	-0,018	0,0138	61,2148	3	2	-0,3472	1,744	60,2642
4	4	-0,0414	0	61,201	4	4	-5,2321	0	58,5202
Corte 3					Corte 4				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	g	Ganho	Nova méd.
1	3	15,267	15,267	84,4378	1	3	0,3845	0,3845	60,7887
2	2	2,4993	8,8832	78,054	2	2	0,0597	0,2221	60,6263
3	1	-5,7516	4,0049	73,1757	3	4	-0,1832	0,087	60,4911
4	4	-12,014	0	69,1708	4	1	-0,261	0	60,4041

NP									
Corte 1					Corte 2				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.
1	3	0,0983	0,0983	35,14	1	3	5,7295	5,7295	33,9711
2	1	0,0073	0,0528	35,0945	2	2	-0,5679	2,5808	30,8225
3	2	-0,0456	0,02	35,0617	3	1	-0,9277	1,4113	29,6529
4	4	-0,06	0	35,0417	4	4	-4,2338	0	28,2417
Corte 3					Corte 4				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.
1	3	6,3548	6,3548	37,0298	1	3	9,5718	9,5718	47,9453
2	2	-0,2905	3,0322	33,7072	2	2	0,6146	5,0932	43,4667
3	4	-2,8793	1,0617	31,7367	3	1	-4,3727	1,9379	40,3114
4	1	-3,1851	0	30,675	4	4	-5,8137	0	38,3735

ALT									
Corte 1					Corte 2				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.
1	3	0,0002	0,0002	3,1065	1	3	0,0569	0,0569	3,557
2	2	0	0,0001	3,1064	2	1	-0,0136	0,0216	3,5218
3	1	-0,0001	0	3,1064	3	4	-0,0173	0,0087	3,5088
4	4	-0,0001	0	3,1063	4	2	-0,026	0	3,5002
Corte 3					Corte 4				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.
1	2	0,0061	0,0061	3,5411	1	3	0,0203	0,0203	2,7921
2	1	0,0046	0,0054	3,5404	2	2	0,0147	0,0175	2,7893
3	3	-0,0039	0,0023	3,5373	3	1	0,0015	0,0122	2,784
4	4	-0,0068	0	3,535	4	4	-0,0366	0	2,7718

Tabela 4 Cont.

DC									
Corte 1					Corte 2				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.
1	3	0,4144	0,4144	15,4324	1	3	0,0499	0,0499	12,9899
2	2	0,0588	0,2366	15,2546	2	4	0,0028	0,0264	12,9664
3	1	-0,086	0,1291	15,1471	3	1	-0,0081	0,0149	12,9549
4	4	-0,3872	0	15,018	4	2	-0,0446	0	12,94
Corte 3					Corte 4				
Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.	Ordem	Fam.	G	Ganho	Nova méd.
1	3	0,2622	0,2622	15,3614	1	2	0,0056	0,0056	16,3684
2	2	0,1381	0,2002	15,2993	2	4	-0,0002	0,0027	16,3655
3	4	-0,173	0,0758	15,1749	3	1	-0,0022	0,001	16,3639
4	1	-0,2273	0	15,0992	4	3	-0,0031	0	16,3629

Fam: Família; g: valor genotípico

Na seleção de famílias, observa-se que duas famílias superaram a média geral das famílias para cada corte, sendo estas consideradas promissoras para seleção de potenciais clones. Para PMS a média era de 61,22; 60,37; 76,20; e 60,57, para os cortes 1, 2, 3 e 4, respectivamente. Para variável NP, estes mesmos cortes apresentam médias gerais de 35,08; 30,67; 33,28; e 42,52, respectivamente, servindo de base para seleção das duas melhores famílias.

Analisando os quatro caracteres em conjunto, destacam-se as famílias oriundas dos cruzamentos 2 (IJ 7139 x Cubano Pinda) e 3 (IJ 7139 x BAG-86) por apresentarem melhor desempenho para todos os caracteres avaliados. Acrescenta-se a estas observações que as características de maior interesse foram as que apresentaram os melhores ganhos para as famílias 2 e 3. Para PMS, estas apresentaram ganhos de 11,38% e 18,08%, respectivamente, no corte 3. Já para NP, os melhores ganhos foram no corte 4, no qual foram encontrados 11,71% e 19,96%, para as famílias 2 e 3, respectivamente.

Em seu trabalho realizado com as mesmas famílias, Silva et al. (2018) selecionaram as famílias 1, 2 e 3 utilizando tanto a seleção direta e indireta quanto o índice de Smith & Hazel. Dessa forma, a continuação do estudo iniciado por essa autora, permitiu confirmar o grande potencial das famílias 2 e 3, indicando essas como promissoras, em termos de produção de biomassa, para a seleção de genótipos superiores.

Destaca-se ainda um grande potencial apresentado pela família 3 oriunda do cruzamento IJ 7139 x BAG-86, uma vez que apresentou tanto as melhores estimativas de V_g , h^2 e acurácia quanto elevado ganho genético, e ainda, os híbridos com melhor desempenho são pertencentes a esta família. Os genótipos IJ 7139 e BAG-86 haviam sido selecionados anteriormente por Oliveira et al. (2017) e Sousa (2013) em seus trabalhos, sendo considerados promissores para dar continuidade em estudos envolvendo o melhoramento da cultura.

Vale lembrar que, no melhoramento de caracteres quantitativos que envolvem a ação de vários genes, dificilmente é possível agregar a um mesmo genótipo várias características de interesse. Assim, deve-se selecionar o maior número de indivíduos dentro da família com o intuito de obter o maior número de genótipos potenciais ou priorizar novos cruzamentos com as famílias selecionadas e aumentar o número de indivíduos dentro das famílias, como forma de obtenção de segregantes superiores (aumentar o número efetivo) para dar continuidade em programas de melhoramento de capim-elefante.

Na seleção via BLUP, famílias com efeitos genotípicos negativos são eliminadas automaticamente, por possuírem valor abaixo da média geral do experimento. Assim, haveria baixíssima probabilidade de se obter um clone promissor dentro dessas famílias (Resende & Barbosa, 2006).

É importante salientar que as famílias deste estudo sustentaram desempenho superior independentemente do corte de avaliação. Esta condição é favorável, pois sabe-se que o capim-elefante, assim como as demais plantas forrageiras, está sujeito à estacionalidade temporal (Cunha et al., 2011), apresentando oscilação de produtividade em determinadas épocas do ano. Assim sendo, o ideal é selecionar genótipos em que a produção de biomassa seca seja a mais estável possível ao longo das colheitas.

A seleção de famílias aumenta a probabilidade de identificar indivíduos superiores, pois selecionam-se tanto as melhores famílias quanto os indivíduos superiores dentro de cada família (Cruz et al., 2012). Logo, o ganho genético e a média geral de cada corte, obtidos com o ranqueamento dos híbridos estudados para as características avaliadas nos quatro cortes, apresentam-se nas Tabelas de 5 a 12.

Dentre os quatro cortes para a variável PMS, os cortes 2 e 3 apresentaram as melhores estimativas de ganho, chegando a 25,21% no corte 3.

Em contrapartida, os ganhos observados nos cortes 1 e 4 foram bem inferiores, levando a ganhos de menos de 1% em ambos os cortes. Esses resultados encontram-se nas Tabelas 5 e 6 e confirmam a análise de parâmetros genéticos realizada anteriormente. O híbrido 54, no corte 3, apresentou os melhores ganhos, com 25,21, o que levou a uma nova média igual a 94,38. A menor porcentagem de ganhos foi observada no híbrido 54, porém, no corte 1, ele obteve apenas 0,10%, contribuindo para uma nova média igual a 61,26. Isso pode ser explicado pela idade dos cortes, da influência do ambiente, época em que os cortes foram realizados, ou ainda por perdas de parcelas do experimento.

Para NP, nota-se que os maiores ganhos ocorreram nos cortes 2, 3 e 4, com uma variação de 18,76% a 29,10% entre eles (Tabelas 7 e 8). O híbrido 33, no corte 4 (Tabela 8), foi o que apresentou maior ganho (15,75), levando a uma nova média igual a 54,12. Conseqüentemente, o corte 1 apresentou as piores estimativas de ganho, sendo que o melhor híbrido para este corte teve ganhos de apenas 0,45%.

As características ALT e DC exibiram as menores estimativas de ganho nos quatro cortes, sendo que o melhor híbrido obteve 4,99% de ganho. Para ALT (Tabelas 9 e 10), a maior estimativa pertence ao híbrido 12 no corte 2, com ganho de 2,25% proporcionando nova média igual a 3,58. O menor ganho foi observado no híbrido 34 no corte 1, com 0,009%, ocasionando também baixa nova média. Levando em consideração a variável DC (Tabelas 11 e 12), nota-se que os melhores ganhos foram no corte 1 com o híbrido 12 (4,99%), o que permitiu obter nova média de 15,80. Contrapondo esses resultados, o híbrido 46, no corte 4, teve os menores ganhos (0,03%), possibilitando obter nova média igual a 60,82.

Por serem de natureza quantitativa, os caracteres avaliados são fortemente influenciados pelo ambiente (Lucius et al., 2014), sendo muitas vezes as médias fenotípicas mascaradas pela influência do ambiente sobre o efeito genotípico, com o BLUP pode-se retirar esta amostra que é proveniente da inflação do ambiente permitindo a análise do que realmente é genotípico.

Tabela 5: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 1 e 2 para o atributo produção de matéria seca (PMS).

Corte 1								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova média
1	3	1	5	144,478	0,1678	61,3688	0,1678	61,3688
2	1	1	4	112,011	0,1168	61,3178	0,1423	61,3433
3	1	3	4	108,466	0,1061	61,3071	0,1302	61,3312
4	3	3	5	111,06	0,1013	61,3022	0,123	61,3240
5	3	1	4	97,994	0,0818	61,2828	0,1148	61,3157
6	1	2	1	117,936	0,0714	61,2724	0,1075	61,3085
7	3	3	1	92,813	0,0675	61,2685	0,1018	61,3028
8	2	3	5	60,959	0,0468	61,2478	0,0949	61,2959
9	2	1	1	53,519	0,0437	61,2447	0,0892	61,2902
10	3	3	2	79,145	0,0422	61,2432	0,0845	61,2855
11	2	1	3	50,41	0,0379	61,2389	0,0803	61,2813
12	2	3	3	53,4	0,0328	61,2338	0,0763	61,2773
13	1	2	4	96,254	0,0313	61,2323	0,0729	61,2739
14	2	3	2	50,037	0,0266	61,2276	0,0696	61,2706
15	3	3	4	101,246	0,026	61,227	0,0667	61,2677
Média geral								61,3024
Corte 2								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova Média
1	3	1	4	117,536	8,6519	67,1721	8,6519	67,1721
2	1	1	4	112,011	7,6883	66,2084	8,1701	66,6903
3	3	3	5	94,732	6,3555	64,8756	7,5652	66,0854
4	1	3	1	83,323	4,7404	63,2606	6,859	65,3792
5	1	2	1	108,866	4,6035	63,1236	6,4079	64,9281
6	2	3	2	67,102	4,2509	62,771	6,0484	64,5686
7	2	1	3	68,077	4,1612	62,6814	5,7788	64,2990
8	1	3	5	77,315	4,0826	62,6028	5,5668	64,0870
9	3	3	1	72,625	3,935	62,4552	5,3855	63,9056
10	2	3	5	62,73	3,7722	62,2923	5,2241	63,7443
11	2	3	3	60,73	3,5532	62,0734	5,0722	63,5924
12	3	1	5	70,89	3,5447	62,0649	4,9449	63,4651
13	1	2	4	98,486	3,467	61,9871	4,8313	63,3514
14	2	3	1	58,367	3,2945	61,8146	4,7215	63,2417
15	2	1	4	60,037	3,2809	61,8011	4,6255	63,1456
Média geral								64,5103

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u +g: média genotípica predita

Tabela 6: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 3 e 4 para o atributo produção de matéria seca (PMS).

Corte 3								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova média
1	3	3	4	156,06	25,2102	94,381	25,2102	94,3810
2	2	3	1	132,534	22,7431	91,9139	23,9767	93,1475
3	2	3	5	113,642	19,7356	88,9064	22,563	91,7338
4	1	2	1	166,058	19,1056	88,2764	21,6986	90,8694
5	3	3	1	116,387	18,8944	88,0652	21,1378	90,3086
6	1	3	1	96,249	18,7241	87,8949	20,7355	89,9063
7	1	3	4	87,366	17,31	86,4808	20,2462	89,4170
8	2	2	4	164,033	17,046	86,2168	19,8461	89,0169
9	1	3	2	82,162	16,4815	85,6523	19,4723	88,6431
10	2	3	2	90,582	16,0645	85,2353	19,1315	88,3023
11	3	3	5	97,913	15,9534	85,1242	18,8426	88,0134
12	1	3	5	76,413	15,5663	84,7371	18,5696	87,7404
13	3	2	1	153,952	14,1653	83,3361	18,2308	87,4016
14	3	3	2	86,65	14,1604	83,3312	17,94	87,1108
15	2	3	3	72,583	13,1991	82,3699	17,624	86,7948
Média geral								89,2095
Corte 4								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova média
1	1	3	1	104,184	0,5865	60,9906	0,5865	60,9906
2	2	3	5	106,64	0,5719	60,9761	0,5792	60,9834
3	1	3	4	95,89	0,5486	60,9528	0,569	60,9732
4	2	3	2	96,016	0,5234	60,9276	0,5576	60,9618
5	1	3	2	76,144	0,4585	60,8626	0,5378	60,9419
6	2	3	3	79,056	0,446	60,8501	0,5225	60,9266
7	3	3	4	71,198	0,4216	60,8257	0,5081	60,9122
8	1	3	5	62,622	0,3967	60,8009	0,4942	60,8983
9	3	3	5	58,912	0,3655	60,7696	0,4799	60,8840
10	3	3	3	58,26	0,3625	60,7666	0,4681	60,8723
11	2	3	1	56,693	0,3439	60,7481	0,4568	60,8610
12	2	3	4	56,574	0,3434	60,7475	0,4474	60,8515
13	3	3	1	51,536	0,3318	60,7359	0,4385	60,8426
14	1	3	3	44,227	0,3127	60,7169	0,4295	60,8336
15	3	2	1	119,01	0,3004	60,7045	0,4209	60,8250
Média geral								60,9038

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u + g: média genotípica predita

Tabela 7: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 1 e 2 para o atributo número de perfilhos (NP).

Corte 1								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova média
1	3	3	2	66	0,1618	35,2034	0,1618	35,2034
2	3	1	5	80	0,1554	35,197	0,1586	35,2002
3	1	3	5	55	0,1485	35,1902	0,1552	35,1969
4	1	3	4	52	0,1379	35,1795	0,1509	35,1925
5	3	3	1	59	0,137	35,1786	0,1481	35,1898
6	3	3	3	59	0,137	35,1786	0,1462	35,1879
7	2	3	2	33	0,1247	35,1664	0,1432	35,1848
8	2	3	5	29	0,1105	35,1522	0,1391	35,1807
9	3	3	5	51	0,1086	35,1503	0,1357	35,1774
10	2	3	1	27	0,1035	35,1451	0,1325	35,1741
11	1	3	1	39	0,0918	35,1335	0,1288	35,1704
12	1	3	3	39	0,0918	35,1335	0,1257	35,1674
13	2	3	4	23	0,0893	35,1309	0,1229	35,1646
14	3	3	4	43	0,0802	35,1219	0,1198	35,1615
15	1	1	4	61	0,0778	35,1195	0,117	35,1587
Média geral								35,1806
Corte 2								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova Média
1	1	3	5	60	10,1623	38,404	10,1623	38,4040
2	1	3	4	52	8,5188	36,7605	9,3406	37,5822
3	3	3	2	51	8,2248	36,4664	8,9686	37,2103
4	3	3	3	51	8,2248	36,4664	8,7827	37,0243
5	3	3	1	50	8,0193	36,261	8,63	36,8717
6	2	3	2	28	6,3223	34,5639	8,2454	36,4870
7	1	3	1	41	6,2589	34,5006	7,9616	36,2033
8	3	3	5	41	6,1704	34,412	7,7377	35,9794
9	2	3	1	27	6,1168	34,3585	7,5576	35,7993
10	1	2	1	64	6,0007	34,2423	7,4019	35,6436
11	3	3	4	38	5,554	33,7957	7,2339	35,4756
12	1	1	4	62	5,328	33,5697	7,0751	35,3168
13	3	1	5	62	5,3105	33,5522	6,9394	35,1810
14	1	3	3	34	4,8208	33,0625	6,788	35,0297
15	2	3	5	20	4,6787	32,9204	6,6474	34,8891
Média geral								36,2064

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u +g: média genotípica predita

Tabela 8: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 3 e 4 para o atributo número de perfilhos (NP).

Corte 3								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova média
1	1	3	5	59	9,922	40,597	9,922	40,5970
2	3	3	2	51	8,5922	39,2672	9,2571	39,9321
3	3	3	1	47	7,9919	38,6669	8,8354	39,5104
4	2	3	1	50	7,8521	38,5271	8,5896	39,2646
5	2	3	5	49	7,702	38,377	8,4121	39,0871
6	1	3	1	44	7,6711	38,3461	8,2886	38,9636
7	3	3	5	44	7,5418	38,2168	8,1819	38,8569
8	1	3	4	42	7,3709	38,0459	8,0805	38,7555
9	1	3	3	41	7,2209	37,8959	7,9850	38,6600
10	2	3	2	42	6,6516	37,3266	7,8516	38,5266
11	2	3	3	39	6,2014	36,8764	7,7016	38,3766
12	2	3	4	36	5,7512	36,4262	7,5391	38,2141
13	1	3	2	31	5,7202	36,3952	7,3992	38,0742
14	2	2	4	71	5,3753	36,0503	7,2546	37,9296
15	3	2	2	63	4,7234	35,3984	7,0859	37,7609
Média geral								38,8339
Corte 4								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova Média
1	2	3	3	71	15,754	54,1276	15,754	54,1276
2	3	3	2	67	15,3958	53,7693	15,5749	53,9484
3	1	3	4	64	15,1177	53,4912	15,4225	53,796
4	2	3	2	64	13,6295	52,003	14,9742	53,3478
5	1	3	1	58	13,2966	51,6701	14,6387	53,0122
6	1	3	5	56	12,6896	51,0631	14,3139	52,6874
7	2	3	1	57	11,5049	49,8785	13,9126	52,2861
8	2	2	4	76	11,1372	49,5108	13,5657	51,9392
9	2	3	5	54	10,5944	48,9679	13,2355	51,6091
10	3	3	4	49	9,9326	48,3062	12,9052	51,2788
11	2	3	4	47	8,4698	46,8434	12,5020	50,8755
12	1	2	2	61	8,0363	46,4098	12,1299	50,5034
13	3	3	3	40	7,2011	45,5746	11,7507	50,1243
14	1	1	4	68	6,5783	44,9518	11,3813	49,7548
15	1	3	3	35	6,3159	44,6895	11,0436	49,4171
Média geral								51,9138

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u +g: média genotípica predita

Tabela 9: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 1 e 2 para o atributo altura de planta (ALT).

Corte 1								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova Média
1	1	3	2	3,9	0,0006	3,107	0,0006	3,1070
2	2	3	1	3,5	0,0005	3,1068	0,0006	3,1069
3	2	3	2	3,4	0,0004	3,1068	0,0005	3,1068
4	3	3	1	3,5	0,0004	3,1067	0,0005	3,1068
5	3	3	5	3,5	0,0004	3,1067	0,0004	3,1068
6	2	3	5	3,25	0,0003	3,1067	0,0004	3,1068
7	3	3	2	3,4	0,0003	3,1066	0,0004	3,1067
8	3	3	4	3,3	0,0002	3,1066	0,0004	3,1067
9	2	1	5	3,5	0,0002	3,1065	0,0004	3,1067
10	1	2	2	3,4	0,0002	3,1065	0,0004	3,1067
11	2	2	4	3,2	0,0002	3,1065	0,0003	3,1067
12	1	2	1	3,3	0,0001	3,1065	0,0003	3,1067
13	1	2	5	3,3	0,0001	3,1065	0,0003	3,1066
14	3	4	3	3,7	0,0001	3,1065	0,0003	3,1066
15	2	3	4	2,9	0,0001	3,1065	0,0003	3,1066
Média geral								3,1067
Corte 2								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova Média
1	1	3	2	4,15	0,0809	3,5811	0,0809	3,5811
2	2	3	2	3,8	0,0809	3,581	0,0809	3,5811
3	2	3	5	3,8	0,0809	3,581	0,0809	3,5811
4	1	3	1	4,1	0,0783	3,5785	0,0802	3,5804
5	2	3	1	3,6	0,0706	3,5707	0,0783	3,5785
6	3	3	1	4,15	0,0666	3,5668	0,0764	3,5765
7	3	3	2	4,15	0,0666	3,5668	0,075	3,5751
8	3	3	3	4,1	0,064	3,5642	0,0736	3,5738
9	3	3	5	4,1	0,064	3,5642	0,0725	3,5727
10	3	3	4	4	0,0589	3,559	0,0712	3,5713
11	1	3	4	3,6	0,0525	3,5527	0,0695	3,5696
12	1	3	3	3,5	0,0473	3,5475	0,0676	3,5678
13	1	3	5	3,5	0,0473	3,5475	0,0661	3,5662
14	2	3	3	3	0,0396	3,5397	0,0642	3,5643
15	2	3	4	2,9	0,0344	3,5346	0,0622	3,5624
Média geral								3,5734

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u +g: média genotípica predita

Tabela 10: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 3 e 4 para o atributo altura de planta (ALT).

Corte 3								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova média
1	2	2	3	4,3	0,0085	3,5435	0,0085	3,5435
2	2	2	1	4,2	0,0082	3,5432	0,0083	3,5433
3	2	2	4	4,2	0,0082	3,5432	0,0083	3,5433
4	3	2	2	4,2	0,0079	3,5429	0,0082	3,5432
5	3	2	3	4,1	0,0076	3,5426	0,0081	3,5431
6	3	2	1	4,05	0,0075	3,5425	0,008	3,543
7	1	2	1	3,9	0,0073	3,5423	0,0079	3,5429
8	1	2	2	3,9	0,0073	3,5423	0,0078	3,5428
9	1	1	4	4,3	0,0071	3,5421	0,0077	3,5427
10	2	2	5	3,8	0,0069	3,5419	0,0077	3,5427
11	1	2	3	3,7	0,0067	3,5417	0,0076	3,5426
12	2	1	5	4,1	0,0065	3,5415	0,0075	3,5425
13	3	1	1	4,1	0,0061	3,5411	0,0074	3,5424
14	3	1	4	4,1	0,0061	3,5411	0,0073	3,5423
15	3	1	2	4,05	0,006	3,541	0,0072	3,5422
Média geral								3,5428
Corte 4								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova Média
1	1	1	5	3,5	0,039	2,8108	0,039	2,8108
2	2	3	5	3,2	0,0384	2,8101	0,0387	2,8105
3	2	3	4	3,15	0,0355	2,8072	0,0376	2,8094
4	2	2	4	3,1	0,0309	2,8027	0,0359	2,8077
5	1	3	5	2,85	0,0263	2,7981	0,034	2,8058
6	3	2	2	3,15	0,0262	2,798	0,0327	2,8045
7	2	3	3	2,95	0,0239	2,7957	0,0315	2,8032
8	3	3	2	2,95	0,0237	2,7954	0,0305	2,8023
9	1	2	2	2,85	0,0235	2,7953	0,0297	2,8015
10	1	3	2	2,8	0,0234	2,7952	0,0291	2,8009
11	3	2	1	3,1	0,0233	2,7951	0,0286	2,8003
12	2	3	2	2,9	0,021	2,7928	0,0279	2,7997
13	3	3	3	2,9	0,0208	2,7925	0,0274	2,7992
14	1	2	1	2,8	0,0206	2,7924	0,0269	2,7987
15	1	3	3	2,75	0,0206	2,7923	0,0265	2,7983
Média geral								2,8035

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u + g: média genotípica predita

Tabela 11: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 1 e 2 para o atributo diâmetro de colmo (DC).

Corte 1								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	F	G	u+g	Ganho	Nova média
1	1	3	2	19,91	0,7895	15,8075	0,7895	15,8075
2	2	3	5	18,19	0,6622	15,6802	0,7259	15,7439
3	3	3	5	18,54	0,6524	15,6704	0,7014	15,7194
4	3	3	2	17,34	0,5521	15,5701	0,6641	15,6821
5	3	3	1	16,8	0,5069	15,5249	0,6326	15,6506
6	2	3	2	16,29	0,5034	15,5214	0,6111	15,6291
7	1	3	1	16,28	0,486	15,504	0,5932	15,6112
8	2	3	1	16,01	0,4799	15,4979	0,5791	15,5971
9	1	3	3	16,2	0,4793	15,4973	0,568	15,586
10	3	3	3	16,14	0,4517	15,4697	0,5564	15,5744
11	3	3	4	15,53	0,4007	15,4187	0,5422	15,5602
12	1	2	5	19,17	0,4003	15,4183	0,5304	15,5484
13	2	3	3	13,78	0,2935	15,3115	0,5122	15,5302
14	2	3	4	13,78	0,2935	15,3115	0,4965	15,5145
15	1	1	2	18,85	0,2411	15,2591	0,4795	15,4975
Média geral								15,6168
Corte 2								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	f	G	u+g	Ganho	Nova média
1	2	3	4	16,34	0,0961	13,0361	0,0961	13,0361
2	3	3	5	14,39	0,0783	13,0183	0,0872	13,0272
3	2	3	5	15,09	0,0767	13,0167	0,0837	13,0237
4	1	3	1	15,31	0,0747	13,0147	0,0814	13,0214
5	1	3	4	14,7	0,0652	13,0052	0,0782	13,0182
6	1	3	2	14,59	0,0635	13,0035	0,0757	13,0157
7	3	3	4	13,04	0,0574	12,9974	0,0731	13,0131
8	3	3	3	13	0,0567	12,9967	0,0711	13,0111
9	1	3	5	13,79	0,0511	12,9911	0,0688	13,0088
10	2	3	1	13,12	0,0461	12,9861	0,0666	13,0066
11	3	3	1	11,7	0,0366	12,9766	0,0638	13,0038
12	2	3	2	12,37	0,0344	12,9744	0,0614	13,0014
13	3	4	4	14,77	0,0339	12,9739	0,0593	12,9993
14	2	4	3	14,48	0,0324	12,9724	0,0574	12,9974
15	2	3	3	12,01	0,0288	12,9688	0,0555	12,9955
Média Geral								13,0119

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u +g: média genotípica predita

Tabela 12: Ranqueamento das 15 melhores progênies oriundas de quatro famílias de irmãos completos de capim-elefante nos cortes 3 e 4 para o atributo diâmetro de colmo (DC).

Corte 3								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	f	G	u+g	Ganho	Nova média
1	2	3	3	19,5	0,4627	15,5618	0,4627	15,5618
2	3	2	1	20,5	0,3913	15,4905	0,427	15,5262
3	2	3	4	18,1	0,391	15,4902	0,415	15,5142
4	1	3	1	18,3	0,3698	15,469	0,4037	15,5029
5	3	3	4	17,2	0,3686	15,4677	0,3967	15,4958
6	3	3	2	16,2	0,3174	15,4165	0,3835	15,4826
7	1	3	5	17,2	0,3135	15,4127	0,3735	15,4726
8	2	3	5	16,3	0,2988	15,398	0,3641	15,4633
9	1	3	4	16,4	0,2725	15,3717	0,354	15,4531
10	1	2	1	18	0,2493	15,3485	0,3435	15,4427
11	1	3	3	15,9	0,2469	15,3461	0,3347	15,4339
12	2	3	1	15,2	0,2425	15,3417	0,327	15,4262
13	1	3	2	15,6	0,2316	15,3307	0,3197	15,4188
14	1	2	2	17,6	0,2288	15,328	0,3132	15,4124
15	3	3	3	14,4	0,2252	15,3244	0,3073	15,4065
Média geral								15,4675
Corte 4								
Ordem	Bloco	Família	Indivíd.	f	G	u+g	Ganho	Nova média
1	2	2	1	20,5	0,0093	16,3722	0,0093	16,3722
2	2	2	4	19,1	0,0082	16,3711	0,0088	16,3716
3	2	2	2	18,7	0,0079	16,3707	0,0085	16,3713
4	3	2	2	19,6	0,0078	16,3706	0,0083	16,3712
5	3	2	3	19,2	0,0074	16,3703	0,0081	16,371
6	2	2	5	17,4	0,0069	16,3697	0,0079	16,3708
7	1	2	4	18	0,0065	16,3694	0,0077	16,3706
8	1	2	1	16,58	0,0054	16,3683	0,0074	16,3703
9	3	4	5	23,7	0,0053	16,3682	0,0072	16,3701
10	1	4	3	23	0,0046	16,3675	0,0069	16,3698
11	1	2	3	15,47	0,0045	16,3674	0,0067	16,3696
12	2	2	3	14,3	0,0044	16,3672	0,0065	16,3694
13	3	3	5	26	0,0041	16,3669	0,0063	16,3692
14	1	4	5	22,1	0,0039	16,3667	0,0062	16,369
15	3	2	1	13,8	0,0031	16,366	0,006	16,3688
Média geral								16,3703

f: valor fenotípico individual; g: valor genotípico; u +g: média genotípica predita

Analisando os quatro cortes de maneira geral, pode-se observar que as estimativas de ganho variaram de boas a ruins entre os quatro cortes; sendo assim, a base para seleção dos melhores indivíduos foi realizada principalmente em função das características avaliadas, sendo PMS e NP prioritárias. Desse modo, após o ranqueamento, foram selecionados seis híbridos para cada característica nos quatro cortes de avaliação simultaneamente (Tabela 13).

Tabela 13: Seleção dos seis híbridos que apresentaram média superior à média geral para cada característica nos quatro cortes de avaliação simultaneamente.

	PMS	NP	ALT	DC
1	06	15	12	34
2	11	52	32	55
3	14	14	35	35
4	35	53	31	52
5	55	51	29	29
6	32	32	47	47

Com relação às predições dos caracteres PMS e NP, alvo da maioria dos melhoristas de plantas que, direta ou indiretamente, visam o aumento da produção, destacam-se as famílias cujo efeito genotípico é positivo e as coloca com superioridade à média do experimento. Nesse contexto, pressupõe-se que, quando o objetivo do programa é focado diretamente na produtividade, as famílias 2 e 3 são promissoras para seleção de genótipos superiores.

Posto isto, e com base na média geral de cada corte, os híbridos 6, 11, 14, 15, 32, 35, 51, 52, 53 e 55 apresentam-se como os mais promissores para obtenção de populações superiores para os caracteres-alvo (PMS e NP), sendo assim foram selecionados para dar seguimento ao programa de melhoramento.

Para uma seleção eficiente de híbridos, Chiorato et al. (2008) afirmam que a mesma deve estar baseada tanto nos componentes da variância (REML) quanto nos componentes da média (BLUP) e que, para um considerável ganho genético, os híbridos com maior média e maior variabilidade genética devem ser selecionados.

6. CONCLUSÕES

Os cortes 2 e 3 realizados com 8 meses de idade apresentaram as melhores estimativas de V_g , h^2 , acurácia e ganhos para as características, fortalecendo a ideia de que o período entre 8-9 meses seja o mais aconselhado para corte quando o objetivo é produção de biomassa.

As famílias 2 e 3, oriundas dos cruzamentos IJ 7139 x Cubano Pinda e IJ 7139 x BAG-86, respectivamente, apresentaram os melhores resultados e são consideradas propícias para a seleção de indivíduos superiores.

Foi observado um grande potencial na família 3 (IJ 7139 x BAG-86), uma vez que apresentou as melhores estimativas de parâmetros genéticos para ambas as variáveis, podendo ser explorada em programas de melhoramento.

Os híbridos 6, 11, 14, 15, 32, 35, 51, 52, 53 e 55 foram selecionados por exibirem destaque entre os demais, pois obtiveram os maiores ganhos genéticos para PMS e NP, e assim, apresentam-se como clones ou genitores potenciais para obtenção de populações superiores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Almeida, D. L.; Santos, G. A.; DePolli, H.; Cunha, L. H.; Freire, L. R.; Amaral Sobrinho, N. M. B.; Pereira, N. N. C.; Eira, P. A.; Blaise, R. M.; Salek, R. C. (1988) *Manual de adubação para o Estado do Rio de Janeiro*. Itaguaí: Editora Universidade Rural. 179p.
- Araújo, M. S. B. do. (2016) Interação genótipo versus cortes anuais e comparação de métodos de estabilidade e de índices de seleção em capim-elefante. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Campos dos Goytacazes, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 81p.
- Arnhold, E.; Mora, F.; Pacheco, C.A.P.; Carvalho, H.W.L. de (2012) Prediction of genotypic values of maize for the agricultural frontier region in northeastern Maranhão, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.12, p.151-155. DOI: 10.1590/S1984-70332012000200009.
- Bressiani, J. A. (2001). Seleção sequencial em cana de açúcar. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Piracicaba-SP, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 104p.
- Carias, C. M. O. M.; Gravina, G. A., Ferrão, M. A. G.; Fonseca, A. F. A.; Ferrão, R. G.; Vivas, M.; Viana, A. P. (2016). Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em progênies de café conilon. *Coffe Science*, v.11, n.1, p.39-45, jan/março.

- Chiorato, A. F., Carbonell, S. A. M., Dias, L. A. D. S., & Resende, M. D. V. de. (2008). Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, v. 51, n. 3, p. 465-472.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012). *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. In: editora, UFV(Ed). Viçosa, pp 377-432.
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. (2014). *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. In: editora, UFV (Ed). Viçosa, pp377-432.
- Cunha, M. V.; Lira, M. A.; Santos, M. V. F.; Freitas, E. V.; Dubeux Junior, J. C. B.; Mello, A. C. L.; Martins, K. G. R. (2011) Association between the morphological and productive characteristics in the selection of elephant grass genotype *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40(3):482-488.
- Cunha, M. V. da; Lira, M. de A.; Santos, M. V. F. dos; Dubeux Júnior, J. C. B.; Mello, A. C. L. de; Freitas, E. V. de. (2013). Adaptabilidade e estabilidade da produção de forragem por meio de diferentes metodologias na seleção de genótipos de *Pennisetum* spp. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*. 8 (4): 681-686.
- Daher, R.F.; Moraes, C.F.; Cruz, C.D.; Pereira, A.V.; Xavier, D.F. (2000) Seleção de caracteres morfológicos discriminantes em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). *Rev. Bras. Zootec*, v.26, n.2, p.265-70.
- Daher, R. F.; Pereira, M. G.; Amaral Júnior, A. T.; Pereira, A. V.; Lédo, F, J. S.; Daros. (2003) M. Estabilidade da produção forrageira em clones de Capim-elefante (*pennisetum purpureum schum*) *Ciênc. agrotec*. v.27, n.4, p.788-797.
- Falconer, D. S.; Mackay, T. F. C. (1997) *Introduction to quantitative genetics*. Edinburgh: Longman. 464 p.
- Ferreira, R.T.; Viana, A. P.; Silva, F. H.; Santos, E. A.; Santos, J. O. (2016). Seleção recorrente em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal-SP, v.38, n.1,158-166, Fev.

- Flores, R. A.; Urquiaga, S. S.; Alves, B. J.R.; Collier, L.S.; Boddey, R.M. (2013). Yield and quality of elephant grass biomass produced in the Cerrados region for bioenergy. *Engenharia Agrícola e Ambiental*. 32: 831-839.
- Freitas, E. V. (2008) *Caracterização de pastos, consumo e desempenho de vacas em pastagens de Pennisetum sp.* Tese (Doutorado em Zootecnia), Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco, 88p.
- Freitas, I. L. J.; Junior, A. T. A.; Viana, A. P.; Pena, G. F.; Cabral, P. S.; Vittorazzi, C.; Silva, T. R. C.; (2013). Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/BLUP em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v.48, n.11, p.1464-141, nov.
- Freitas, R. S. (2018) *Influência de idades de corte em características morfoagronômicas em genótipos de capim-elefante.* Tese (Mestrado em Produção Vegetal), Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 65p.
- Fontoura, C.F. Brandão, L.E.; Gomes, L.L. (2015) Elephant grass biorefineries: towards a cleaner Brazilian energy matrix. *Journal of Cleaner Production*, v. 96, p. 85-93. doi.org/10.1016/j.jclepro.2014.02.062
- Granato, L.O. (1924) *Capim elefante (Pennisetum purpureum Schum.)*, São Paulo, Secretaria de Agricultura, 56p.
- Gonçalves, G. M., Viana, A. P., Bezerra Neto, F. V., Pereira, M. G., Pereira, T. N. S. (2007). Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(2), 193-198.
- Ibrahim, N.; Kamarudin, S. K.; Minggu, L. J. (2014) Biofuel from biomass via photo-electrochemical reactions: An overview. *Journal of Power Sources*, 259(1):33–42.
- Instituto Hórus de Conservação e desenvolvimento ambiental. Disponível em: http://www.institutohorus.org.br/index.php?modulo=inf_ficha_pennisetum_purpureum. Acesso em: 06/01/2018.

INMET - Instituto Nacional de Meteorologia. Disponível em: http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=home/page&page=rede_estacoes_auto_graf. Acesso em: 09/01/2018.

Köppen, W. (1948) *In: Climatologia: con um estúdio de los climas de La Tierra*. México: Fondo de Cultura Economica, 478p, 1948.

Laviola, B.G., Rosado, T.B., Bhering, L.L., Kobayashi, A.K. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 45(10):1117–1123.

Lemus, R.; Brummer, E. C.; Moore, K. J.; Molstad, N. E.; Burras, C. L.; Barker, M. F. (2002) Biomass yield and quality of 20 switchgrass populations in Southern Iowa, USA: *Biomass & Bioenergy*, 23:433-442.

Lima, E.S., Silva, J.F.C., Vásquez, H.M., Andrade, E.N., Deminicis, B.B., Morais, J.P.G., Costa, D.P.B., Araújo, S.A.C. (2010) Características agrônômicas e nutritivas das principais cultivares de capim-elefante do Brasil. *Veterinária e Zootecnia*, 17 (3): 324-334.

Lima, R. S. N.; Daher, R. F.; Gonçalves, L.S.A.; Rossi, D. A.; Amaral Junior, A. T. do; Pereira, M.G.; Lédo, F. J. S. (2011) Estimativa da diversidade genética entre genótipos de capim elefante (*P. purpureum* Schum) baseada em marcadores de DNA (RAPD e ISSR). *Genetics and molecular research*, 10 (3): 1304-131.

Lopes, B.A. (2004) *O capim-elefante*, Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Viçosa- MG, Universidade Federal de Viçosa- UFV, 56P.

Lucius, A.S.F.; Oliveira, R.A. De; Daros, E.; Zambon Filho, J.L.B.; Verissimo, M.A.A. (2014) Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via REML/BLUP. *Ciências Agrárias*. Londrina, v. 35, n. 1, p. 101-112, jan./fev.

Maia, M. C. C.; Resende, M. D. V.; Oliveira, L. C.; Vasconcelos, L. F. L.; Netos, J. F. P. L. (2014) Análise genética em genótipos de manga rosa via REML/BLUP. *Revista Agrotecnologia*, Anápolis, v. 5, n. 1, p. 01 – 16.

- MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares: Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registro-nacional-cultivares>. Acesso em 12/01/2018. Página mantida pelo Governo Federal.
- Martel, E.; De Nay, D.; Siljak-Yakovlev, S.; Brown, S.; Sarr, A. (1997) Genome size variation and basic chromosome number in pearl millet and fourteen related *Pennisetum* species. *Journal of Heredity*, v. 88, p. 139-143. doi:10.1093/oxfordjournals.jhered.a023072
- Mazzarella, V. (2011) Capim-elefante é aposta como alternativa de energia renovável. *Jornal da Cana*. São Paulo - SP. Entrevista concedida a Octaviana Carolina.
- Mendes, F.F.; Guimarães, L.J.M.; Souza, J.C.; Guimarães, P.E.O.; Pacheco, C.A.P.; Machado, J.R. de A.; Meirelles, W.F.; Silva, A.R. da; Parentoni, S.N. (2012) Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.12, p.111-117. DOI: 10.1590/S1984-70332012000200003.
- Menezes, B.R., Daher, R.F., Gravina, G.D.A., Pereira, A.V., Sousa, L.B., Rodrigues, E. V., Silva, V.B., Gottardo, R.D., Schneider, L.S.A., Novo A.A (2015) Estimates of heterosis parameters in elephant grass (*Pennisetum purpureum* Schumach) for bioenergy production. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 75: 395-401.
- Miranda, A. C.; Moraes, M. L. T. de; Silva, P. H. M. da Silva; Sebbenn, A. M. (2015) Genetic gain in the selection by multieffects index in openpollinated progenies of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Scientia Forestalis*, volume 43, n. 105, março.
- Monteiro, I. J. G., Abreu, J. G., Cabral, L. D. S., Ribeiro, M. D., Reis, R. H. P. (2011). Silagem de capim-elefante aditivada com produtos alternativos. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, 33(4), 347-352.
- Moraes, M.F.; Bastos G.Q.; Filho, C.J.A.; Melo, L.J.O.T.; Reis, O.V. (2010) Avaliação agroindustrial e parâmetros genético de progênes de cana-de-

açúcar em fase inicial na zona canavieira do litoral norte de Pernambuco. *Ciência Agrotecnologia*, v.34, p.1086-1092. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542010000500002>

Morais, R. F., Souza, B. J. D., Leite, J. M., Soares, L. H. D. B., Alves, B. J. R., Boddey, R. M., Urquiaga, S. (2009) Elephant grass genotypes for bioenergy production by direct biomass combustion. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(2), 133-140.

Nascimento, I. S.; Monks, P. L.; Silva, J. B. (2008) Efeito de cortes outonais e hibernais sobre o desempenho produtivo do capim elefante cv. Cameroon *Revista Brasileira de Ciências Agrárias* 3: (2) 191-196.

Nass, L.L.; Pereira, P.A.A.; Ellis, D. Biofuels in Brazil: an overview. *Crop Science*, v. 47, p. 2228-2237, 2007.

Oliveira, R. A., Daros, E., Bessalho Filho, J. C., Zambon, J. L. C., Ido, O. T., Weber, H., Resende, M. D.V., Neto, H. Z. (2008). Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia agraria*, 9(3), 269-274.

Oliveira, A. V. de; Daher, R. F.; Menezes, B. R. da S.; Gravina, G. de A.; Sousa, L. B. de; Gonçalves, A. C. da S.; Oliveira, M. L. F. (2013) Avaliação do desenvolvimento de 73 genótipos de capim elefante em Campos dos Goytacazes- RJ. *Boletim Indústria animal*, 70: 119-131.

Oliveira, É.S., Daher, R. F., Ponciano, N. J., de Amaral Gravina, G., de Almeida Sant'ana, J. A., Gottardo, R. D., Silva, V.B., Rocha, A.S. (2015) Variation of Morpho-Agronomic and Biomass Quality Traits in Elephant Grass for Energy Purposes According to Nitrogen Levels. *American Journal of Plant Sciences*, 6(11), 1685.

Oliveira, I. J.; Atroch, A. L.; Dias, M. C.; Guimarães, L. J.; Guimarães, P. E. O. (2017) Seleção de cultivares de milho quanto à produtividade, estabilidade e adaptabilidade no Amazonas. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v.52, n.6, p.455-463, jun. DOI: 10.1590/S0100-204X2017000600009

- Pandolfi Filho, A.D.; Do Valle, C.B.; Barrios, S.C.L.; Alves, G.F.; Deminicis, B.B. (2016) Avaliação de genitoras sexuais de *Brachiaria* spp. na época de seca. *Arch. Zootec.* 65 (250): 213-219.
- Paterlini, E. M., Arantes, M. D. C., Gonçalves, F. G., Vidaurre, G. B., Bauer, M. D. O., & Moulin, J. C. (2013). Evaluation of elephant grass for energy use. *Journal of Biotechnology and Biodiversity*, 4(2), 119-125.
- Pedrozo, C. A., Benites, F. R. G., Barbosa, M. H. P., Resende, M. D. V., & Silva, F. L. (2009). Efficiency of selection indexes using the REML/BLUP procedure in sugarcane breeding. *Scientia Agrária*, v.10, n.1, p.31-36.
- Peixoto, L. S.; (2009). Seleção de famílias vs. Seleção clonal nas fases iniciais do melhoramento da batata. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Lavras, Universidade Federal de Lavras, 97p.
- Pereira, A. V. (1994) Germoplasma e diversidade genética do capim-elefante. In: Simpósio sobre Capim-Elefante, 2., Juiz de Fora. *Anais...* Coronel Pacheco: EMBRAPA-CNPGL, 1994. p. 1-11.
- Pereira, A.V.; Valle, C.B.; Ferreira, R.P.; Miles, J.W. (2001) Melhoramento de forrageiras tropicais. In: Nass, L.L.; Valois, A.C.C.; Melo, I.S.; Valadares-Ingres, M.C. (Ed.). *Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas*. Rondonópolis: Fundação Mato Grosso, p.549-602.
- Pereira, A. V.; Machado, M. A.; Azevedo, A. L. S.; Nascimento, C. S.; Campos, A. L.; Lédo, F. J. S. (2008) Diversidade genética entre acessos de capim-elefante obtida com marcadores moleculares. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.37, n.7, p.1216-1221.
- Pinto, F. O., Luz, L. N. de.; Pereira, M. G.; Cardoso, D. L., & Ramos, H. C. C. (2013) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. *Agrária – Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v.8, n. 3, p. 211-217.
- Quesada, D. M.; Boddey, R. M.; Reis, V.M.; Urquiaga, S. (2004) Parâmetros qualitativos de genótipos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum)

estudados para a produção de energia através da biomassa. *Circular Técnica* 8, Seropédica, RJ.

Quintal, S.S.R.; Viana, A. P.; Campos, B. M.; Vivas, M.; Amaral Junior, A. T. do. Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 39, p. 1-8, 2017.

Reis, M.C., Sabrinho, S.F., Ramalho, M.A.P., Ferreira, D.F., Ledo, F.J.S., Pereira, A.V., (2008) Allohexaploid pearl millet x elephantgrass population potential for a recurrent selection program. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43 (2): 195-199.

Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975 p.

Resende, M.D.V.; Barbosa, M.H.P. (2006) Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.41, p.421-429. [http:// dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000300008](http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000300008)

Resende, M.D.V., Duarte, J.B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 37, p. 182-194.

Resende, M.D.V. (2007) Selegen-REML / BLUP: *Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada Via Modelos Lineares Mistos*. Embrapa Florestas, Colombo. 359p.

Ribeiro, G. H. M. R.; Pinto, C. A. B. P.; Figueiredo, I. C. R.; Moreira, C. M.; Lyra, D. H. (2014) Seleção de famílias para aparência dos tubérculos e tolerância a temperaturas elevadas em batata. *Bragantia*, Campinas, v. 73, n. 4, p.390-398. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.0108>

Rocha, A.S., Daher, R.F., Gravina, G.A., Pereira, A.V., Rodrigues, E.V., Viana AP and Oliveira ES (2015) Comparison of stability methods in elephant-grass genotypes for energy purposes. *African Journal of Agricultural Research* 10: 4283-4294.

- Rodrigues, L.R.A.; Monteiro, F.A.; Rodrigues, T.J.D. (2001) Capim-elefante. In: Peixoto, A.M., Pedreira, C.G.S., Moura, J.V., Faria, V.P. (Eds.) *Simpósio sobre manejo da pastagem*, 17, Piracicaba, 2ª edição. Anais. Piracicaba:FEALQ, p.203-224.
- Rodrigues, W. P., Vieira, H. D., Barbosa, D. H., Souza Filho, G. R., Candido, L. S. (2013). Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 12(3), 2391-2399.
- Rodrigues, E. V.; Daher, R. F.; Santos, A.; Vivas, M.; Machado, J. C.; Gravina, G.A.; Souza, Y. P.; Vidal, A. K. F.; Rocha, A. S.; Freitas, R.S (2017). Selecting elephant grass families and progenies to produce bioenergy through mixed models (REML/BLUP). *Genetics and molecular research*, v. 16, p. 2-12.
- Rosado, A. M.; Rosado, T. B.; Resende Júnior, M. F. R.; Bhering, L. L.; e Cruz, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v.44, n.12, p.1653-1659, dez. 2009
- Rossi, D. A., Menezes, B. D. S., Daher, R. F., Gravina, G. D. A., de Lima, R. S. N., Lédo, F. D. S., e de Souza, C. L. M. (2014). Canonical correlations in elephant grass for energy purposes. *African Journal of Biotechnology*, 13(36), 3666-3671.
- Santos, H.G., Jacomine, P.K.T, Anjos, L.H.C, Oliveira, V.Á., Lumbreras, J.F., Coelho, M.R., Almeida, J.Á., Cunha, T.J.F. e Oliveira, J.B. (2013) *Sistema brasileiro de classificação de solos*. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa, 353p.
- Santos, E. A., Viana, A. P., de Oliveira Freitas, J. C., Rodrigues, D. L., Tavares, R. F., Paiva, C. L., Souza, M. M. (2015). Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. *Euphytica*, 204(1), 1-11.
- Schneider, L. S. A. (2013) *Avaliação morfoagronômica, adaptabilidade e estabilidade da produção de forrageira de capim-elefante*. Dissertação

(Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 72p.

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

Silva, G. T. F., Weis, M. A. (2011) Energias renováveis e potenciais efeitos para o desenvolvimento regional no Brasil. *Revista Cadernos de economia*, 15:32 -48

Silva, V. B.; Daher, R. F.; Araújo, M. S. B.; Souza, Y. P.; Cassaro, S.; Menezes, B. R. S.; Gravina, L. M.; Novo, A. A. C.; Tardin, F. D.; Amaral Júnior, A. T. (2017) Prediction of genetic gains by selection indices using mixed models in elephant grass for energy purposes. *Genetics and Molecular Research* 16 (3): gmr16039781. DOI <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039781>

Silva, V.B.; Daher, R. F.; Menezes, B. R. S.; Gravina, G. A.; Araujo, M. S. B.; Carvalho Junior, A. R.; Cruz, D. P.; Almeida, B. O.; Tardin, F. (2018) Selection among and within full-sib families of elephant grass for energy purposes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 18, p. 89-96.

Skinner, J. C.; Hogarth, D. M.; Wu, K. K.; Selections methods, criteria and índices. In: Heinz, D. J. (Ed.) *Sugarcane improvement through Breeding*. Amsterdam: *Elseiver*, 1987, p. 09-753.

Sousa, L. B. de. (2013) avaliação morfoagronômica e da qualidade da biomassa e estudo da capacidade combinatória em capim-elefante para fins energéticos em Campos dos Goytacazes – RJ. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Campos dos Goytacazes, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 93p.

Souza, Y. P. (2017) Repetibilidade de caracteres morfoagronômicos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de capim-elefante para produção de biomassa com fins energéticos. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Campos dos Goytacazes, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 80p.

- Tcacenco, F.A., Botrel, M.A. (1997) *Identificação e avaliação de acessos e cultivares de capim-elefante*. In: Carvalho, M.M., Alvin, M.J., Xavier, D.F. (Eds) *Capim-elefante: produção e utilização*. 2ª ed., revisada. Brasília:Embrapa SPI e Juiz de Fora:Embrapa-Gado de Leite, p.1- 30.
- Torres, F.E.; Teodoro, P.E.; Sagrilo, E.; Ceccon, G.; Correa, A.M. (2015) Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. *Bragantia*, v.74, p.255-260. DOI: 10.1590/1678-4499.0099.
- Valle, C. B; Jank, L; Resende, R. M.S. (2009). O melhoramento de forrageira tropicais no Brasil. *Revista Ceres* 56: (4) 460-472.
- Viana, A.P, Resende, M.D.V. (2014). *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciencia, 296p.
- Vitor, C. M. T.; Fonseca, D. M; Cóser, A. C.; Martins, C. E.; Nascimento Júnior, D.; Ribeiro Júnior. J. I. (2006) Produção de matéria seca e valor nutritivo de pastagem de capim-elefante sob irrigação e adubação nitrogenada *R. Bras. Zootec.*, v.38, n.3, p.435-442.
- Vivas, M.; Silveira, S. F.; Vivas, J. M. S.; Viana, A. P. Junior, A. D. A.; Pereira, M. G. (2014) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia*, Campinas. V.73, n.4, p.446-450.
- Xavier, M. A., Perecin, D., de Toledo Alvim, K. R., de Andrade Landell, M. G., Arantes, F. C. (2014). Seleção de famílias e progênies de irmãos completos de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP. *Bragantia*, 73(3), 253-262.