

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

MARCOS VINICIUS SCHIAVONI CORRÊA

PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO VIA MODELOS MISTOS EM HÍBRIDOS DE
***Paspalum notatum* Flügge**

Porto Alegre (RS), Brasil
Março de 2024

MARCOS VINICIUS SCHIAVONI CORRÊA

**PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO VIA MODELOS MISTOS EM HÍBRIDOS
DE *Paspalum notatum* Flügge**

Dissertação apresentada como requisito para obtenção do grau de Mestre em Zootecnia, na Faculdade de Agronomia, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Orientador: Roberto Luis Weiler

Porto Alegre (RS), Brasil

Março de 2024

CIP - Catalogação na Publicação

Correa, Marcos Vinicius Schiavoni
PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO VIA MODELOS MISTOS
EM HÍBRIDOS DE Paspalum notatum Flüggé / Marcos
Vinicius Schiavoni Correa. -- 2024.
58 f.
Orientador: Roberto Luis Weiler.

Dissertação (Mestrado) -- Universidade Federal do
Rio Grande do Sul, Faculdade de Agronomia, Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia, Porto Alegre, BR-RS, 2024.

1. Paspalum Notatum . 2. Análise multivariada. 3.
Plantas Forrageiras. 4. Herdabilidade. 5. Melhoramento
Genético. I. Weiler, Roberto Luis, orient. II.
Título.

Elaborada pelo Sistema de Geração Automática de Ficha Catalográfica da UFRGS com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Marcos Vinicius Schiavoni Corrêa
Médico Veterinário

DISSERTAÇÃO


Submetida como parte dos requisitos
para obtenção do Grau de

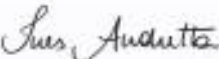
MESTRE EM ZOOTECNIA

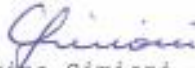
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia
Faculdade de Agronomia
Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Porto Alegre (RS), Brasil

Aprovada em: 28.03.2024
Pela Banca Examinadora

Homologado em: 22.05.2024
Por


Roberto Luis Weiler
PPG Zootecnia/UFRGS
Orientador


Digitally signed by Ines
Andretta
Date: 2024.05.22 14:53:06
-03'00'
INES ANDRETTA
Coordenadora do Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia


Carine Simioni
UFRGS


Diógenes Cecchin Silveira
Autônomo


Karine Cristina Krycki
SMAM/RS

Documento assinado digitalmente
 PAULO VITOR DUTRA DE SOUZA
Data: 24/05/2024 07:29:59 -0300
Verifique em <https://validar.br.gov.br>

PAULO VITOR DUTRA DE SOUZA
Vice-Diretor da Faculdade de Agronomia

Dedico esse trabalho a minha família por todo o apoio durante essa etapa.

AGRADECIMENTOS

Gostaria de expressar minha sincera gratidão a todos que contribuíram para a realização deste trabalho. Esta jornada acadêmica não teria sido possível sem o apoio e a orientação de diversas pessoas. Primeiramente, quero agradecer ao meu orientador Roberto Luis Weiler, pela orientação dedicada, paciência e valiosas sugestões ao longo deste processo. Sua experiência e conhecimento foram fundamentais para o desenvolvimento desta pesquisa. Agradeço também aos membros da banca examinadora, Carine Simioni, Karine Cristina Krycki e Diógenes Cecchin Silveira, por suas avaliações críticas e contribuições construtivas, que enriqueceram significativamente o conteúdo desta dissertação.

A minha família e amigos, sou grato pelo apoio incondicional e pela compreensão nos momentos desafiadores. Seu estímulo e encorajamento foram essenciais para superar os obstáculos e alcançar este marco acadêmico.

Aos colegas de laboratório e de curso, agradeço pela colaboração e troca de ideias, que enriqueceram meu entendimento sobre o tema estudado. Por fim, expresso minha gratidão à Universidade Federal do Rio Grande do Sul e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia por proporcionar o ambiente propício para o desenvolvimento acadêmico e pela infraestrutura oferecida.

Este trabalho é dedicado a todos que, de alguma forma, contribuíram para o seu sucesso.

Muito obrigado.

Parâmetros genéticos e seleção via modelos mistos em híbridos de *Paspalum notatum* Flüggé¹

Autor: Marcos Vinicius Schiavoni Corrêa

Orientador: Roberto Luis Weiler

Resumo: *Paspalum notatum* Flüggé, conhecido como "grama forquilha", é uma gramínea perene nativa da América do Sul. Valorizada por sua tolerância à seca e a solos pobres, além da capacidade de formar densas coberturas de forragem, é de ampla distribuição nas pastagens nativas tropicais e subtropicais. Além do uso como forragem de alta qualidade para o gado. O conhecimento da variação genética em caracteres quantitativos é crucial para o melhoramento genético de plantas forrageiras. Este trabalho objetiva investigar os parâmetros genéticos e aplicar a seleção via modelos mistos em híbridos de *P. notatum*, visando melhor compreensão da herança de características importantes e seleção desses híbridos para caracteres de forragem. Foram avaliados 116 genótipos em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições, mensurando características como número de perfilhos, massa seca total, altura e diâmetro das plantas. Foi observado um efeito genético significativo em todos os caracteres estudados, com maior contribuição genética para a altura das plantas. Embora a variância ambiental tenha sido predominante, as associações entre os caracteres foram predominantemente positivas, indicando que melhorias em um caráter podem influenciar positivamente outros. Utilizando critérios de ganho de seleção, foram identificados 11 genótipos para aumento da altura, 15 para diâmetro de planta, 29 para número de perfilhos e 28 para massa seca total. Esses resultados fornecem diretrizes valiosas para o melhoramento genético de *P. notatum*, destacando a importância da seleção criteriosa para otimizar características forrageiras desejáveis. Os genótipos selecionados representam potenciais candidatos para etapas subsequentes do programa de melhoramento, visando aumentar a produtividade e qualidade desses híbridos.

Palavras chave: Análise multivariada, BLUP, herdabilidade, Tocher.

¹ Dissertação de Mestrado em Zootecnia – Plantas Forrageiras, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.(59p.) Março, 2024

Genetic parameters and selection via mixed models in *Paspalum Notatum* Flügge hybrids ¹

Author: Marcos Vinicius Schiavoni Corrêa

Advisor: Roberto Luis Weiler

Summary: *Paspalum Notatum* Flügge, known as "fork grass", is a perennial grass native to South America. Valued for its tolerance to drought and poor soils, as well as its ability to form dense forage covers, it is widely used in tropical and subtropical pastures. In addition to its use as high-quality forage for livestock. Knowledge of genetic variation in quantitative traits is crucial for the genetic improvement of forage plants. Objective to investigate genetic parameters and apply selection via mixed models in hybrids of *P. Notatum*, aiming to better understand the inheritance of important characteristics and selection of these hybrids for forage traits. We evaluated 116 genotypes in a randomized block design with four replications, measuring characteristics such as number of tillers, total dry mass, plant height and diameter. We observed a significant genetic effect on all traits studied, with a greater genetic contribution to plant height. Although environmental variance was predominant, associations between traits were predominantly positive, indicating that improvements in one trait can positively influence others. Using selection gain criteria, we identified 11 genotypes for increasing height, 15 for plant diameter, 29 for number of tillers and 28 for total dry mass. These results provide valuable guidelines for the genetic improvement of *P. Notatum*, highlighting the importance of judicious selection to optimize desirable forage traits. The selected genotypes represent potential candidates for subsequent stages of the breeding program, aiming to increase the productivity and quality of these hybrids.

Keywords: Multivariate analysis, BLUP, heritability, Tocher.

¹Master of Science dissertation in Forage Science, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (59p) March, 2024

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	12
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	13
2.1 Diversidade e Importância do Gênero <i>Paspalum</i> Pastagens Sul-Americanas	13
2.2 <i>Paspalum notatum</i>	15
2.3 Melhoramento de plantas apomíticas	18
2.4 Parâmetros genéticos	20
3. MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1 Local e período da pesquisa.....	22
3.2 Material vegetal	23
3.3 Delineamento experimental	24
3.4 Procedimentos	24
3.5 Caracteres avaliados	25
3.6 Análise estatística	25
4. RESULTADOS	28
5. DISCUSSÃO	44
6. CONCLUSÃO.....	48
7. REFERÊNCIAS	49

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Progenitores femininos (♀ 4x), masculinos (♂ 4x) e híbridos de <i>Paspalum notatum</i> Flügge.....	24
Tabela 2. Análise de deviance e teste de razão de verossimilhança (LRT) para quatro caracteres forrageiros em genótipos de <i>P. notatum</i> avaliadas em quatro colheitas.....	28
Tabela 3. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de <i>P. notatum</i> para o caractere altura de plantaconsiderando o desempenho médio dos cortes do experimento.....	31
Tabela 4. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de <i>P. notatum</i> para o caractere diâmetro de plantaconsiderando o desempenho médio dos cortes do experimento.....	34
Tabela 5. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de <i>P. notatum</i> para o caractere número de perfilhosconsiderando o desempenho médio dos cortes do experimento.....	36
Tabela 6. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de <i>P. notatum</i> para o caractere massa seca totalconsiderando o desempenho médio dos cortes do experimento.....	39
Tabela 7. Composição de grupos formados pelos métodos de otimização original e sequencial de Tocher e média para quatro caracteres avaliados em genótipos de <i>P. notatum</i> , base na matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis ($D_{ii'}^2$).....	43

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1- Dados climáticos de precipitação (mm) em barras (esquerda) e temperatura média (°C) em linhas (direita) durante o período experimental em comparação com a média histórica (1970–2023)..... 24
- Figura 2- Estimativas de correlações genéticas entre caracteres de produção forrageira em 116 genótipos de *P. notatum* via BLUP.....30

LISTA DE ABREVIATURAS

Abreviatura	Descrição
ALT	Altura de Planta
CV	Coeficientes de Variação
DP	Diâmetro de Planta
GS	Ganho de Seleção
MST	Matéria Seca Total
NP	Número de Perfilhos

1. INTRODUÇÃO

As áreas destinadas às pastagens representam 33% das áreas agrícolas globais e são a base alimentar para cerca de 1,52 bilhões de bovinos, 1,21 bilhões de ovelhas, 1,02 bilhões de cabras e 210 milhões de búfalos. Assim, essas culturas desempenham um papel fundamental na agricultura mundial (Chand et al., 2022; De Haan et al., 2022; Liu et al., 2023). No território brasileiro, áreas de pastagem são fundamentais para a alimentação dos ruminantes. Estas áreas abrangem uma extensão de terra que chega a 156 milhões de hectares, atravessando a diversidade de todos os seis biomas reconhecidos no Brasil (Feitosa et al., 2022; Projeto MapBiomas, 2021). Esta vasta cobertura é a base alimentar para o rebanho bovino do país, estimado em aproximadamente 196,47 milhões de cabeças (IBGE, 2019). Além disso, o Brasil registra taxa anual de abate girando em torno de 39,14 milhões de animais, o que evidencia a significativa produção de carne no país. Esses indicadores não apenas refletem a imensa capacidade de produção agropecuária brasileira, mas também consolidam o país como uma potência no mercado global de carne bovina. O Brasil não só ocupa a posição de maior exportador mundial dessa *commodity*, conforme destacado pela Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC) em 2022, mas também se classifica como o segundo maior produtor de carne bovina do mundo. Essa posição de destaque coloca o Brasil em uma competição acirrada com os Estados Unidos, o que evidencia a importância estratégica do setor agropecuário brasileiro no cenário econômico global. Jank et al. (2014) e ABIEC (2022) reforçam essa visão, indicando o papel vital que o Brasil desempenha no atendimento à demanda internacional por carne bovina, ao mesmo tempo em que destaca os desafios e oportunidades para o país nesse segmento de mercado altamente competitivo.

A base deste sucesso reside na exploração eficiente das pastagens, que abrangem cerca de 115 milhões de hectares, majoritariamente compostas por espécies forrageiras exóticas como *Panicum maximum* e *Brachiaria* spp, favorecidas pela facilidade de cultivo e acessibilidade de sementes viáveis (Quadros et al., 2010). Contudo, há um potencial subutilizado nas espécies nativas de forrageiras, especialmente aquelas pertencentes ao Bioma Pampa do Rio Grande do Sul, que conta com uma rica biodiversidade, incluindo aproximadamente 400 gramíneas e mais de 150 leguminosas (Boldrini, 2006). Dentre essas, as espécies do gênero *Paspalum* destacam-se por sua qualidade bromatológica superior e potencial produtivo, como

evidenciado em estudos que apontam para uma produção notável de matéria seca e uma significativa resistência ao frio (Steiner et al., 2017).

A expansão do uso de espécies nativas é limitada pela falta de conhecimento sobre o manejo adequado para produção de sementes, um desafio destacado na literatura científica que relata variações significativas nos rendimentos de sementes puras viáveis (Pinto, 1982; Rosa, 1984; Ost, 2013). Com uma área de mais de nove milhões de hectares destinados a pastagens naturais no Rio Grande do Sul e um rebanho de 12,5 milhões de bovinos (IBGE, 2017), a valorização e o manejo adequado dos campos nativos surgem como estratégias fundamentais para a sustentabilidade da pecuária estadual, aproveitando a diversidade de espécies e sua resiliência para assegurar a alimentação dos herbívoros ao longo do ano.

O conhecimento da natureza e magnitude da variação genética que governa a herança de caracteres quantitativos, como rendimento e qualidade de forragem e sementes, por exemplo, são importantes para realizar o melhoramento genético (Falconer&Mackay, 1996; Lynch & Walsh, 1998). No entanto, a seleção para melhorar os componentes de rendimento tanto de forragem quanto de sementes são essenciais em programas de melhoramento genético projetados para atender os padrões da indústria e características requeridas pelo mercado (Bernardo, 2008). Portanto, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em populações de diversos níveis (ecótipos, híbridos simples, duplos e triplos) é importante no direcionamento de programas de melhoramento, principalmente no que se refere ao processo seletivo dos genótipos mais promissores (Falconer&Mackay, 1996).

Esse estudo teve como objetivo investigar os parâmetros genéticos e aplicar a seleção via modelos mistos em híbridos de *P. notatum*, visando melhor compreensão da herança de características importantes e seleção desses híbridos para caracteres de forragem.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Diversidade e Importância do Gênero *Paspalum* nas Pastagens Sul-Americanas

O gênero *Paspalum*, pertencente à família Poaceae, destaca-se na América do Sul como centro de origem e diversidade, abrangendo extensivamente regiões tropicais

e subtropicais, além de algumas espécies dispersas na Ásia e África (Batista e Godoy, 1998; Aliscioni, 2002). Com mais de 300 espécies adaptadas aos trópicos e subtropicais, *Paspalum* se destaca na tribo Paniceae pela ampla distribuição geográfica, sendo naturalmente encontrado em pastagens do Uruguai, Argentina, Paraguai e Brasil, desde o Rio Grande do Sul até Mato Grosso do Sul (Barreto, 1974).

Chase (1929) classificou o gênero em 25 grupos informais, sendo quatro deles, *Plicatula*, *Notata*, *Dilatata* e *Livida*, notáveis por características agronômicas como alta produção e qualidade de forragem. A diversidade genética, hábitos de crescimento e modos de reprodução variam entre as mais de 350 espécies, conferindo ao gênero *Paspalum* características agronômicas interessantes e alta adaptabilidade aos diferentes ecossistemas brasileiros (Batista e Godoy, 2000; Burson, 1997; Denham, 2005).

Dall'Agnol e Gomes (1987) destacam que acessos de *Paspalum* superaram cultivares exóticas em potencial produtivo de matéria seca, mesmo sem seleção artificial, contando apenas com a seleção natural ao longo dos anos. Além de possuir o maior número de espécies nativas entre as gramíneas, o gênero é reconhecido por abranger a maioria das espécies com qualidade forrageira, dominando as áreas em que estão presentes e contribuindo significativamente para a produção de forragem nas formações vegetais (Valls, 1987). Essa relevância agronômica é crucial, pois *Paspalum* é a base alimentar para bovinos, apresentando resistência ao frio e maior produção de matéria seca e proteína bruta em comparação a outras espécies nativas do estado (Prestes; Freitas; Barreto, 1976).

Paspalum desempenha um papel fundamental na composição das pastagens brasileiras, sendo alvo de melhoramento genético nos Estados Unidos, Brasil e Argentina, visando cultivares adaptadas às regiões subtropicais (Brugnoli et al., 2013; 2014). Em levantamento florístico no Rio Grande do Sul, Barreto (1974) conduziu um levantamento taxonômico, identificando aproximadamente 300 espécies de *Paspalum*, das quais 56 foram classificadas como nativas. Em sua análise, ele ressaltou a proeminente predominância do gênero em formações campestres. Essa predominância foi notável em diversas regiões do Brasil, sendo considerada praticamente indispensável na composição dessas formações campestres (Kaminski et al., 1998). A diversidade genética promove menor risco de desequilíbrio biológico em diferentes ecossistemas (Strapasson; Vencovsky; Batista, 2000). Andrade et al. (2019) apontam *P.*

notatum, do grupo *Notata* (Chase, 1929), como a espécie mais abundante em pastagens sul-brasileiras.

Paspalum destaca-se em estudos de tolerância ao frio, alta produção e qualidade de forragem em comparação com outras gramíneas tropicais e subtropicais. No âmbito do melhoramento genético, genótipos tetraplóides sexuais, como 'Q4205', 'Q4188' e 'C44X', originários do Instituto de Botânica del Nordeste (IBONE) na Argentina (Quarín et al., 2003), foram cruzados com germoplasma apomítico nativo do Rio Grande do Sul, destacando o genótipo 'D3', que superou a produção de cultivares existentes (Weiler et al., 2017, 2018). Maraschin (2001) destaca a necessidade de valorizar espécies nativas, enquanto ressalta os problemas causados por espécies exóticas invasoras, como *Eragrostis plana* Nees, popularmente conhecido como capim anoni. Estudos comparativos entre ecótipos nativos e cultivares existentes ressaltam a superioridade de características como produção de forragem e persistência ao inverno (Prates, 1977; Fachinetto et al., 2012). A produção pecuária no sul do Brasil, Uruguai e Argentina depende principalmente de pastagens, incluindo as nativas, representando a base forrageira para ruminantes domésticos (Berretta, 2001). Contudo, a falta de variabilidade genética nas pastagens brasileiras destaca a importância de novas cultivares adaptadas às diferentes condições do país (Euclides et al., 2010).

2.2 *Paspalum notatum*

A espécie *Paspalum notatum*, conhecida pelos diversos nomes populares como grama-batatais, grama-forquilha, 'bahia grass', grama-do-rio-grande, pensacola e grama-mato-grosso, é uma gramínea rizomatosa perene amplamente distribuída pelo território brasileiro, destacando-se por sua significativa importância econômica em vários países (Canto-Dorow et al., 1996; Pozzobon e Valls, 1997). O gênero *Paspalum*, ao qual *P. notatum* pertence, abriga mais de 130 espécies nativas no Brasil, totalizando mais de 400 catalogadas (Valls, 2005). Sua origem e diversificação genética concentram-se nas regiões Sul das Américas, abrangendo principalmente o centro-sul do Brasil, leste da Bolívia, norte da Argentina, Paraguai e Uruguai (Batista et al., 2005). A região Sul do Brasil, em especial, destaca-se como o habitat natural dessa espécie, sendo um componente fundamental dos campos nativos do Rio Grande do Sul (Mohrdieck, 1993). *P. notatum* demonstra ampla adaptação aos diferentes biomas brasileiros devido a sua alta rusticidade,

resistência ao pisoteio e crescimento favorecido pelo pastejo (Canto-Dorow et al., 1996).

No entanto, apesar de sua notável adaptação, o uso dessa gramínea em pastagens no Brasil é limitado, devido às dificuldades de implantação, incluindo a escassez de sementes no mercado (Obeid e Pereira, 2010). A diversidade genética de *P. notatum* manifesta-se na presença de numerosos biótipos e ecótipos, variando em características como dimensões das folhas, inflorescências, espiguetas e presença de pilosidade, incluindo a var. *saurae*, caracterizada por folhas mais estreitas e sementes menores em comparação com a var. *notatum* (Souza et al., 2020).

A disseminação global de *P. notatum* para outros continentes destaca sua notável adaptabilidade em ambientes variados, ocorrendo naturalmente em latitudes entre 25° N e 32° S, estendendo-se até 35° N nos EUA e aproximadamente 30° S na Austrália (Obeid e Pereira, 2010). Sua ocorrência abrange altitudes desde o nível do mar até superiores a 2.300 m, com uma preferência por regiões de temperatura média anual entre 17 a 25°C (Obeid e Pereira, 2010). Quanto à exigência de solo, *P. notatum* demonstra versatilidade ao prosperar em diversos tipos, preferindo solos arenosos ou de textura leve, com pH variando de 4,3 a 6,5 e moderada tolerância ao alumínio (Obeid e Pereira, 2010). Sua adaptação em solos de baixa fertilidade é atribuída à fixação simbiótica de nitrogênio atmosférico, mediada pela associação entre micorrizas (*Azotobacterpaspali*) e o sistema radicular (Obeid e Pereira, 2010).

P. notatum exibe resistência a condições climáticas adversas, com temperaturas ótimas de germinação entre 30 a 35°C e de crescimento entre 25 a 30°C. Sua resistência à seca é notável devido ao sistema radicular profundo, embora apresente sensibilidade a congelamentos, resultando em queima das extremidades. Temperaturas noturnas abaixo de 13°C inibem o florescimento. Apesar de sujeita a diversas pragas e doenças, *P. notatum* apresenta resistência genética à maioria delas, sendo a ferrugem, causada por *Clavicepaspali*, a principal doença fúngica, afetando principalmente a variedade argentina. Além disso, a gramínea demonstra resistência ao nematóide das raízes (*Meloidogyne* spp.) (Obeid; Pereira, 2010).

P. notatum destaca-se como forrageira de qualidade, sendo apreciada por animais em pastejo devido a sua estrutura, persistência, produtividade e teores satisfatórios de proteína bruta (O'Reagain, 1993; Murray, 1984). Seu manejo

preferencial é através do pastejo, evidenciando-se como espécie competitiva quando manejada sob cortes frequentes, dificultando o desenvolvimento de outras espécies (Obeid e Pereira, 2010). Estudos de genótipos nativos do Rio Grande do Sul revelaram expressivos valores de produção de matéria seca, aproximando-se de cultivares de espécies tropicais (Sawasato, 2007; Steiner et al., 2017). Destaca-se *P. notatum* cv. Tifton 18 Bahiagrass por sua produtividade superior (Kalmbacher et al., 1997), evidenciado em comparações com outras cultivares, como *P. notatum* cv. Tifton 9, que superou o cv. Pensacola em produção de matéria seca (Mislevy et al., 1981). No Bioma Pampa, onde a flora nativa desempenha papel crucial, *P. notatum* destaca-se como uma espécie adaptada às condições climáticas e de solo da região. Projetos recentes, como o conduzido sob os auspícios do programa PROBIO (Ministério do Meio Ambiente, 2009), enfatizam espécies nativas com potencial de inserção na matriz agrícola, incluindo *P. notatum*. Sua capacidade de adaptação a diversas condições de solo e clima, aliada a sua variabilidade genética, a torna uma escolha estratégica para a formação de pastagens e recuperação de áreas degradadas (Valls, 2009).

A descrição morfológica de *P. notatum*, uma gramínea perene com ciclo estival, inclui características como a altura variando de 19 cm a 1 m, rizomas supraterrâneos paralelos à superfície do solo e fortemente aderidos ao substrato, e colmos floríferos com alturas entre 10,5 cm e 65 cm, apresentando entre dois e quatro nós. Quanto às folhas, as bainhas que envolvem os rizomas têm de 4 a 6 cm de comprimento e de 6 a 10 mm de largura, e as lâminas foliares são lisas, com comprimento variando de 4,5 a 25 cm, largura entre 2 e 8 mm, glabras, lanceoladas, agudas e com nervuras pouco destacadas. A lígula é do tipo membranosa com 0,5 mm de comprimento e presença de cílios, e a coloração da folhagem é esverdeada ou verde-violácea (Cidade, 2006).

As inflorescências de *P. notatum* são compostas por dois racemos unilaterais espiciformes conjugados ou subconjugados, podendo alguns indivíduos apresentar 3-5 ramos. O comprimento dos ramos varia de 5 a 13,5 cm, a ráquis é estreita e pode ser esverdeada ou violácea. Em relação às espiguetas, são 2-seriadas, com comprimento entre 2,6 e 3,7 mm, largura variável entre 1,6 e 2,7 mm, glabras, verdes ou violáceas, oval-lanceoladas ou plano-convexas. O fruto é do tipo cariopse, seco, com dimensões de 2,3 a 3,2 mm de comprimento e 1,2-2,3 mm de largura,

com formato oval-lanceolado e hilo punctiforme. O florescimento e a frutificação ocorrem entre os meses de novembro e maio (Cidade, 2006).

Em geral, *P. notatum* destaca-se como uma espécie versátil, adaptada a diversas condições ambientais, tanto de clima quanto de solo, demonstrando plasticidade fenotípica. Sua presença nas pastagens naturais da América do Sul e a capacidade de se adaptar a diferentes biomas tornam-na uma escolha estratégica tanto para a pecuária local quanto para projetos de recuperação de áreas degradadas, enfatizando sua importância econômica e ecológica (Canto-Dorow et al., 1996; Pozzobon e Valls, 1997; Ministério do Meio Ambiente, 2009; Valls, 2009).

2.3 Melhoramento de plantas apomíticas

O aprimoramento genético de forrageiras compartilha metas semelhantes às culturas agrícolas, visando o aumento da produtividade, qualidade da forragem, consumo e conversão alimentar, resistência a pragas e doenças, eficiência no uso de fertilizantes e adaptação às condições climáticas e do solo (Jank et al., 2011; Parsons et al., 2011). Para o sucesso desses programas, é essencial ter uma coleção diversificada de germoplasma, compreender a citologia e o sistema reprodutivo do material disponível, além de definir objetivos claros e alcançáveis (Ortiz et al., 2013).

Dentro dos métodos de reprodução em plantas, a reprodução sexual envolve a formação de embriões após a fertilização, enquanto algumas plantas se reproduzem assexuadamente por propagação vegetativa ou apomixia. Na propagação vegetativa, as plantas se reproduzem por estolões, rizomas, bulbos, bulbilhos ou brotos de raiz (Spillane et al., 2004). Já na reprodução apomítica, as sementes são formadas sem fertilização, gerando embriões que se desenvolvem autonomamente a partir de células não reduzidas, resultando em plantas clones da planta mãe (Carneiro et al., 2006).

A apomixia apresenta vantagens significativas, como a rápida fixação de genótipos superiores, eliminando a necessidade de testes de progênie para avaliar a estabilidade genética. Isso possibilita a eficiente seleção e liberação de híbridos F1 como novas cultivares (Acuña et al., 2009), maximizando a produção agrícola ao fixar o vigor híbrido, evitando perdas devido a problemas de polinização e

acelerando o processo de melhoramento, simplificando a produção de sementes híbridas comercialmente viáveis (Hanna, 1995; Ortiz et al., 2004).

Espécies apomíticas, como algumas gramíneas forrageiras dos gêneros *Brachiaria*, *Cenchrus*, *Eragrostis*, *Panicum*, *Paspalum*, *Pennisetum* e *Poa*, são destacadas em programas de melhoramento (Ortiz et al., 2004). A coleção diversificada de germoplasma é crucial para ampliar a base genética e identificar indivíduos sexuais para cruzamento com apomíticos. Plantas tetraploides totalmente sexuais são essenciais, podendo servir como progenitores femininos em cruzamentos com apomíticos naturais (Sartor et al., 2009).

As duas principais linhas de pesquisa em programas de melhoramento de forrageiras apomíticas incluem a seleção de genótipos naturais com base em germoplasma diversificado e a realização de cruzamentos com genótipos sexuais poliploides raros. Identificar novas populações diploides é crucial para induzir autotetraploidia, quebrando barreiras apomíticas através do cruzamento sexual de tetraploides induzidos com pólen de tetraploides apomíticos naturais (Sartor et al., 2011).

O objetivo final é obter recombinação genética e identificar genótipos superiores com reprodução completamente apomítica para lançamento como novas cultivares. A uniformidade na ploidia dos progenitores é crucial para evitar a esterilidade em progênies resultantes de cruzamentos entre espécies diploides sexuais e poliploides apomíticos (Ortiz et al., 2004). O estudo da variabilidade genética nas populações naturais é essencial para elucidar a biologia, entender a diversidade e obter informações sobre a evolução das espécies. A mutação, recombinação e fluxo gênico, como forças geradoras de variabilidade genética, são fundamentais para o processo evolutivo, pois a adaptação de cada espécie ao longo das gerações depende da existência de variabilidade sobre a qual a seleção natural possa atuar (Brammer, 1993).

A seleção de genitores e a caracterização da variabilidade genética são procedimentos decisivos para aumentar a eficiência em programas de melhoramento genético de plantas. Os avanços no desenvolvimento de variedades e cultivares de alta produtividade são em parte resultados da exploração dos reservatórios genéticos de traços ancestrais das cultivares. A preservação e expansão do conjunto gênico, ou seja, a conservação e ampliação da

biodiversidade utilizável para os programas de melhoramento, contribuem para o desenvolvimento de uma agricultura sustentável (Brammer, 2002).

Alguns aspectos importantes devem ser considerados em relação ao uso da biodiversidade para o futuro da agricultura e para a qualidade de vida, destacando a função da diversidade genética nas espécies vegetais e animais melhoradas, a necessidade de conservação da biodiversidade e o desenvolvimento de novas cultivares como recursos genéticos (Brammer, 2002). Coletas direcionadas para poucas espécies, mesmo aquelas com potencial forrageiro aparentemente superior, limitam a disponibilidade de genes e desconsideram possíveis combinações genéticas (Valls, 1987).

Enquanto a apomixia dificulta a recombinação genética, a introdução do gene de apomixia em espécies que se reproduzem sexualmente oferece vantagens, como a fixação do vigor híbrido (Hanna & Bashaw, 1987; Valle & Savidan, 1996; Koltunow e Grossniklaus, 2003). Com a fixação genética do híbrido, eliminam-se barreiras como a área de multiplicação de sementes, a emasculação ou a introdução de linhagens macho-estéreis; reproduzem-se as misturas mecânicas e diminui-se a possibilidade de contaminação gamética, refletindo no custo final das sementes (Hanna, 1995).

2.4 Parâmetros genéticos

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em populações desempenha um papel crucial no direcionamento de programas de melhoramento, especialmente no processo seletivo de linhagens mais promissoras (Falconer & Mackay, 1996; Lynch & Walsh, 1998; Silveira et al., 2022). A análise e identificação de parâmetros genéticos, como coeficiente de variação genética, herdabilidade e correlação entre caracteres, são de extrema importância para compreender a variabilidade genética, a transmissão do componente genético na expressão dos caracteres e a relação entre eles, permitindo a determinação de ganhos diretos ou indiretos por meio da seleção (Melchinger, 1999; Rocha et al., 2003).

O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica, resultante da interação entre efeitos genéticos e ambientais, é crucial para a escolha de métodos de melhoramento, locais de condução de experimentos, número de repetições e predição de ganhos com seleção. Efeitos ambientais mascaram o mérito genético dos indivíduos,

e quanto maior a proporção da variabilidade devida aos efeitos ambientais em relação à variabilidade total, maior é a necessidade de esforço na seleção de genótipos superiores (Allard, 1960; Pathak & Bhat, 2007). Estimativas de herdabilidade, coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, além de variâncias genotípicas e fenotípicas, são ferramentas essenciais para entender a natureza do material genético e a influência do ambiente, orientando a definição de estratégias de melhoramento (Cruz & Regazzi, 2004).

Ghosh (2012) encontrou coeficientes de variação fenotípico e genotípico variados para diferentes características, destacando a importância de compreender a variabilidade em diferentes fenótipos. O conceito de herdabilidade, introduzido para separar diferenças genéticas e não-genéticas, é fundamental na estimativa de ganhos genéticos e na escolha de métodos de seleção (Reis, 2000; Bernardo, 2008). A magnitude da herdabilidade em uma população foi classificada em alta, moderada e baixa por Akinwale et al. (2011), destacando a importância dessa medida para orientar os programas de melhoramento. A possibilidade de predição de ganhos por meio de estratégias de seleção é uma contribuição significativa da Genética Quantitativa para o melhoramento, permitindo uma orientação mais eficaz dos programas de melhoramento (Cruz & Regazzi, 2004).

Vencovsky (1987) destaca a importância de fatores como intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais na obtenção de ganhos por seleção. A pressão de seleção, embora relacionada ao diferencial de seleção, carrega consigo o risco de redução drástica na variabilidade genética. Portanto, a heterogeneidade genética de uma população é crucial para o sucesso da seleção, baseando-se nas diferenças genéticas existentes.

Em adição, o objetivo do estudo conduzido por Weiler et al. (2023) foi verificar a repetibilidade da expressão de caracteres forrageiros em híbridos intraespecíficos de *P. notatum* para auxiliar na seleção precoce. Durante cinco colheitas, diversos caracteres, como altura das plantas, densidade populacional de perfilhos, matéria seca das folhas, do caule, da inflorescência, matéria seca total e hábito de crescimento, foram quantificadas para cinco genitores, 189 híbridos e uma cultivar comercialmente disponível como controle (n = 195), utilizando métodos estatísticos como análise de variância, análise de componentes principais e análise estrutural foram obtidos para determinar os coeficientes de repetibilidade. Os resultados revelaram coeficientes de repetibilidade considerados elevados para a maioria das características estudadas,

indicando a confiabilidade da seleção precoce para avançar para a próxima fase do programa de melhoramento (Weiler et al., 2023). Trabalhos recentes de Silveira et al. (2022; 2023) e Marcón et al. (2021) enfocaram o melhoramento genético de *P. notatum*, destacando a relevância da estimação dos parâmetros genéticos como estratégia de seleção em híbridos intraespecíficos. Para os trabalhos de Silveira et al. (2022), os resultados indicaram altas magnitudes de herdabilidade, alta precisão seletiva e variação genética para as características da forragem, fornecendo informações úteis para seleção em futuros programas de melhoramento de plantas. Os híbridos nominados 336, 332, 437, 132 e o genitor masculino '30N' foram identificados como promissores para aumentar a produção de matéria seca em *P. notatum*. A consideração da altura das plantas como uma característica crucial para seleção indireta destaca a importância de características específicas na otimização do rendimento (Silveira et al., 2022; 2023). Além disso, a análise indicou que os pais devem ser selecionados em grupos diferentes para maximizar a variabilidade genética e a heterose. Esses pais devem ser incluídos em cruzamentos dialélicos. Os resultados obtidos neste estudo fornecem informações importantes para o futuro melhoramento de cultivares melhoradas de *P. notatum* para comercialização (Silveira et al., 2022; 2023).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local e período da pesquisa

O experimento de campo foi conduzido na Estação Experimental Agronômica da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Rio Grande do Sul, Brasil, em área experimental pertencente ao Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia (DPFA), a 46 m de altitude, 30°05'S, 51°40'W. O solo da área experimental é classificado como Argissolo Vermelho Distrófico (Ultisols - taxonomia de solo do USDA) (Santos et al., 2018).

O clima da região é classificado como Cfa pela classificação de Köppen (Moreno, 1961). Nos últimos 40 anos a temperatura média máxima foi de 30,2°C em janeiro e a média mínima de 8,5°C em julho; já a precipitação média anual é de aproximadamente 1450mm (Bergamaschi et al., 2013). Na Figura 1 é apresentado a temperatura média mensal e a precipitação durante a condução do experimento (janeiro de 2023 a dezembro de 2023), além da média histórica.

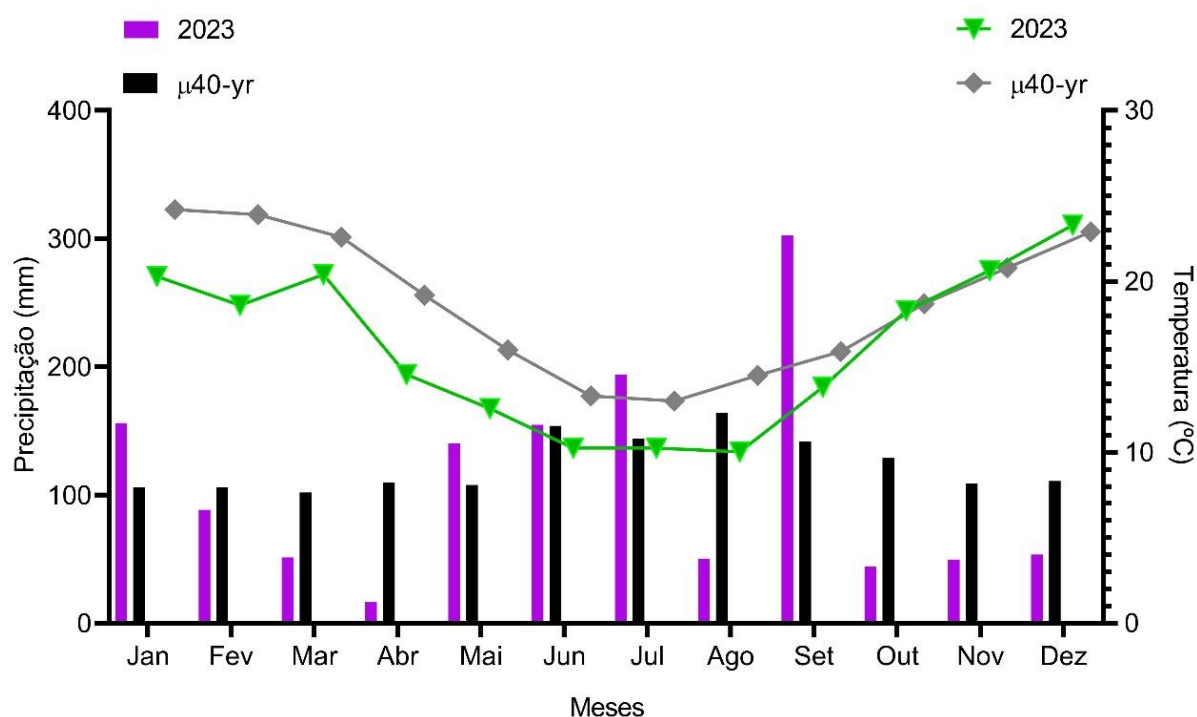


Figura 1. Dados climáticos de precipitação (mm) em barras (esquerda) e temperatura média (°C) em linhas (direita) durante o período experimental em comparação com a média histórica (1970–2023).

3.2 Material vegetal

Os cruzamentos para obtenção de híbridos intra-específicos e a condução das mudas foram realizados no Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia da Faculdade de Agronomia da UFRGS, conforme descrito anteriormente. Os cruzamentos foram realizados utilizando a metodologia descrita por Burton (1948) e posteriormente adaptada por Weiler et al. (2018). Os genitores são oriundos do banco de germoplasma do Departamento, produzidos por Krycki et al., 2020 (KD7, KD9, KF4, KF6, KF17, KF19 e KM2) e também descritos por Ghellar Junior et al., 2022 (PN14P3, PN10P3, PN9P3, 17PN1, 17PN2, 17PN3 e 17PN5). Obtiveram-se 15 combinações nos cruzamentos, descritas na Tabela 1. Ao total foram avaliados 116 genótipos de *P. notatum*, incluindo 109 híbridos, além das plantas testemunhas KM2, KD9, Q4188, PN14P3, KF6 e KD7, também a cultivar 'Pensacola' foi incluída como controle (Tabela 1).

Tabela 1. Progenitores femininos (♀ 4x), masculinos (♂ 4x) e híbridos de *Paspalumnotatum*.

Cruzamento		Nº Plantas ¹	Código Nº
♀	♂		
KD 9	KF 6	14	101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114
KF 17	PN 14 P3	7	201, 202, 203, 204, 205, 206, 207
KM 2	KF 6	6	301, 302, 303, 304, 305, 306
KF 17	KD 7	5	401, 402, 403, 404, 405
KM 2	17 PN 2	3	501, 502, 503
KF17	PN 10 P3	2	601, 602
KM 2	17 PN 3	2	701, 702
KF 19	PN 9 P3	2	801, 802
KM 2	KF 6	2	901, 902
KD 9	17 PN 5	1	1201
KF 4	17 PN 1	2	1101, 1102
KF 4	KF 6	60	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 60
KF 17	PN 9 P3	3	1001 à 1003

¹109 híbridos.

3.3 Delineamento experimental

A população estudada constituiu-se de 116 genótipos (tratamentos) dispostos em delineamento de blocos ao acaso (DBC) com quatro repetições.

3.4 Procedimentos

Em janeiro de 2023 foi realizada a dessecação da área experimental e foram coletadas amostras de solo, a fim de verificar as características químicas do mesmo. As amostras de solo (0–0,2 m) foram coletadas e analisadas antes da semeadura do experimento e corrigido de acordo com a Comissão de Química e Fertilidade do Solo (CQFS-RS/SC) (2016). A recomendação foi realizada de acordo com a necessidade de gramíneas estivais. Para tanto, a área experimental foi corrigida com a incorporação de 3,4 t/ha usando calcário dolomítico com PRNT de 80% e a adubação parcial com adubo 8-20-20, sendo aplicados no primeiro ano 950 kg ha⁻¹. As adubações de cobertura foram fracionadas, aplicando-se após cada corte, conforme as indicações técnicas para gramíneas perenes de estação quente (CQFS-RS/SC, 2016).

Em 2022, as sementes foram colocadas em papel filtro umedecido com solução de nitrato de potássio (KNO_3 0,2%) em uma caixa plástica denominada gerbox (Brasil, 2009). As placas foram mantidas úmidas por 28 dias sob condições controladas em câmara de crescimento: 16 horas de luz a 30 °C e 8 horas de escuridão a 30 °C (Brasil, 2009). Quando as plântulas emitiam a primeira folha expandida, eram transferidas para tubetes com substrato comercial Carolina Soil™ composto de turfa, vermiculita, resíduo orgânico e calcário. Quando as mudas apresentavam de três a quatro folhas, estas foram levadas ao campo. O transplante das mudas em tubetes (um por planta) foi realizado, utilizando-se plantadeira manual no dia 08/02/2023. As unidades experimentais foram plantas individuais, espaçadas entre si em 1,5 metros na linha e na coluna. A área foi mantida livre de plantas daninhas e sempre que necessário, inseticidas foram aplicados.

3.5 Caracteres avaliados

As avaliações foram realizadas por meio de quatro cortes ao longo de um ano, divididos em uma etapa antes e outra após o inverno. Os cortes mantinham um resíduo de 5 cm. Na primeira etapa, foi possível a realização de dois cortes (dias 27/03/23 e 11/05/23). Na segunda, mais dois cortes foram realizados (dias 04/11/23 e 14/12/23).

Os caracteres mensurados no experimento de forragem foram: número de perfilhos (NP, perfilhos planta⁻¹), massa seca total (MS, g MS planta⁻¹), altura de planta (ALT, cm) e diâmetro de planta (DP, cm).

Em cada corte, foi determinado o número de perfilhos através da contagem individual de cada planta. A altura e o diâmetro de planta foram medidos com auxílio de uma régua graduada em centímetros. Após os cortes, as amostras foram levadas ao laboratório e mantidas em estufa. Após a secagem, foi determinado a massa seca total.

3.6 Análise estatística

Realizou-se as estimativas dos componentes de variância, predição dos valores genéticos por meio da metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML)/melhor predição linear imparcial (BLUP). O modelo utilizado é para experimentos em blocos completos ao acaso, um só local, várias colheitas e uma observação por parcela. Assim, o modelo estatístico usado foi:

$$y = X_m + Z_g + W_p + T_i + e$$

em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso, assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições e e é o vetor resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X , Z , W e T) são as matrizes de incidência para os referidos efeitos. A significância dos efeitos do modelo foi testada via teste da razão de verossimilhança (LRT) (Rao, 1973), usando a estatística Qui-quadrado com um grau de liberdade e ao nível de probabilidade igual a 1%.

As equações do modelo misto equivalem a:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + I^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I^{-1}\lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I^{-1}\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m \\ g \\ p \\ i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix}$$

Onde:

$$\lambda_1 = \frac{1-\rho}{h^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2}; \lambda_2 = \frac{1-\rho}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2}; \lambda_3 = \frac{1-\rho}{p^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2};$$

A herdabilidade individual no sentido amplo dentro do bloco é dada por

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$$

A repetibilidade individual no bloco é dada por

$$\rho = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$$

O coeficiente de determinação dos efeitos permanentes da parcela é dado por

$$p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$$

A correlação ambiental comum entre parcelas é dada por

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$$

Os estimadores iterativos dos componentes de variância em REML foram obtidos por meio do algoritmo Expectation-Maximization (EM) (Dempster et al., 1977).

$$\sigma_e^2 = [y'y - \hat{m}'X'y - \hat{g}'Z'y - \hat{p}'W'y - \hat{i}'T'y] / [N - r(X)]$$

$$\sigma_g^2 = [\hat{g}'I^{-1}\hat{g} + \sigma_e^2 \text{tr}(I^{-1}C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}' p + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{33}] / s$$

$$\hat{\sigma}_i^2 = [\hat{i}' i + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{44}] / q$$

Onde C^{22} , C^{33} e C^{44} advém de

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

Em que: C = matriz dos coeficientes das equações do modelo misto; tr = operador traço matricial; r(X) = posto da matriz X; N = número total de dados; q = número de indivíduos; s = número de genótipo x colheitas.

Os coeficientes de correlação genética entre características foram obtidos via BLUP com base na seguinte expressão:

$$r_g(XY) = \frac{\text{COV}_g(XY)}{\sqrt{\sigma_g^2(X) \cdot \sigma_g^2(Y)}}$$

Onde $\text{COV}_g(XY)$ é a covariância genética entre as características x e y; $\sigma_g^2(X)$ é a variância genética do caractere x e $\sigma_g^2(Y)$ é a variância genética do caractere y. A significância da r_g foi testada pelo teste t, a 0,05%, 0,01% e 0,001% de probabilidade, com n-2 graus de liberdade, entre todos os pares de combinações. As magnitudes dos coeficientes de correlação podem ser classificadas de acordo com Silveira et al., (2021), sendo r = 0 considerado nulo; r = 0 a 0,30 foi considerado fraco; r = 0,30 a 0,60 foi considerado médio; r = 0,60 a 0,90 foi considerado forte; r = 0,90 a 1 foi considerado muito forte e r = 1 foi considerado perfeito. Já o ganho calculado via seleção entre genótipos foi dado por $GS (\%) = 100 \times \frac{GA - OGm}{OGm}$ onde GAs é a média genotípica dos selecionados e OGm é a média genotípica geral. Posteriormente, as análises de agrupamento usadas para quantificar a variabilidade genética foram realizadas pelos métodos de agrupamento de otimização de Tocher original (Rao, 1952) e modificado (Vasconcelos et al., 2007).

As análises foram realizadas utilizando os softwares SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2016) e GENES (Cruz, 2016).

4. RESULTADOS

Através da análise de *deviance*, é possível observar a presença de efeitos significativos para todos os caracteres forrageiros estudados, conforme indicado pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) a um nível de significância de 1%, como apresentado na Tabela 2.

Ao analisar os componentes de variância, verificou-se a obtenção de valores substanciais de variância ambiental (σ_e^2) para todas as características avaliadas, indicando que uma parte significativa da variação é atribuível a fatores ambientais, em detrimento dos fatores genéticos (Tabela 2). Destaca-se que a maior contribuição genética foi evidenciada na altura das plantas (ALT), alcançando 28,13% da variação total. Por outro lado, o diâmetro da planta (DP) apresentou o menor valor de variância genética, correspondendo a 19,02%, revelando que, entre as características examinadas, o diâmetro da planta é mais suscetível aos efeitos ambientais. A variância ambiental permanente (σ_{pe}^2) também demonstrou ser superior a variância genética (σ_g^2) para maioria dos caracteres, com exceção da altura de plantas (Tabela 1).

Por consequência disso, as herdabilidades individuais no sentido amplo (h_g^2) para todos os caracteres foram baixas, variando de 0,19 à 0,28 para os caracteres DP e ALT, respectivamente (Tabela 2). Por outro lado, as herdabilidade média do genótipo (h_{mg}^2) variaram de 0,59 à 0,76 para os caracteres MST e ALT, respectivamente. Cabe ressaltar que os coeficientes de determinação dos efeitos permanentes (C_p^2), associados à variância individual do ambiente permanente, mostraram-se relativamente baixos, porém, sua magnitude foi superior à do efeito genético individual (h_g^2) para a maioria dos caracteres, com exceção do caractere ALT (Tabela 1). Isso indica que a variação proveniente do ambiente permanente teve uma influência mais significativa nos resultados observados em comparação com a variação genética individual. Já as estimativas de repetibilidade no nível da parcela (r) foram moderadas, variando de 0,45 à 0,48 para ALT e NP, respectivamente (Tabela 2). Os coeficientes de variação genética (CV_g) foram inferiores aos coeficientes de variação residual (CV_e) para todos os caracteres forrageiros. Assim, o coeficiente de variação relativa para os caracteres avaliados foi inferior ao unitário, indicando pouca possibilidade de obtenção de ganhos genéticos com a seleção dos genótipos.

Tabela 2. Análise de *deviance* e teste de razão de verossimilhança (LRT) para quatro caracteres forrageiros em genótipos de *P. notatum* avaliadas em quatro colheitas.

Efeito	Caractere			
	ALT	DP	NP	MST
Completo	6601,35	7932,12	12665,10	7406,67
Genotípico	6690,25	7971,47	12704,51	7438,72
Ambiente	6685,76	8083,50	12871,53	7525,59
Interação	6622,56	7945,87	12692,93	7432,42
LRTg (χ^2)	88,90*	39,35*	39,41*	32,05*
LRTm (χ^2)	84,41*	151,38*	206,43*	118,92*
LRT GxA (χ^2)	21,21*	13,75*	27,83*	25,75*
σ_g^2	10,74	16,75	358,48	63,89
σ_{pe}^2	6,53	22,86	524,25	91,65
σ_{gm}^2	2,76	5,12	141,51	30,35
σ_e^2	18,14	43,36	809,67	141,71
σ_p^2	38,17	88,09	1833,92	327,60
h_g^2	0,28	0,19	0,20	0,20
r	0,45	0,45	0,48	0,47
C_p^2	0,17	0,26	0,29	0,28
C_{gm}^2	0,07	0,06	0,08	0,09
r_{gmed}	0,80	0,77	0,72	0,68
h_{mg}^2	0,76	0,63	0,62	0,59
Média	18,07	21,12	57,21	19,72
CV _e	23,58	31,18	49,74	60,37
CV _g	18,14	19,38	33,10	40,54
CV _r	0,77	0,62	0,67	0,67

*Significativo a 1% de probabilidade através da análise de *deviance* baseada no teste de razão de verossimilhança (LRT) distribuído qui-quadrado (χ^2) com 1 grau de liberdade (χ^2 tabulado: 6,63 para nível de significância de 1%). ns: Não significativo. σ_g^2 : variância genotípica; σ_{pe}^2 : variância ambiental permanente;

σ_{gm}^2 : variância da interação genótipos x medidas; σ_e^2 : variância residual; σ_p^2 : variância fenotípica; h_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo; r: repetibilidade no nível da parcela, dada por $(\sigma_g^2 + \sigma_{pe}^2) / (\sigma_g^2 + \sigma_p^2)$; C_p^2 : coeficiente para determinar os efeitos do ambiente permanente; C_{gm}^2 : coeficiente para determinação dos efeitos da interação genótipos x medidas; r_{gmed} : correlação genotípica através de medidas; h_{mg}^2 : herdabilidade média do genótipo; CV_g: coeficiente de variação genética; CV_e: coeficiente de variação experimental; CV_r: coeficiente de variação relativo. ALT: altura da planta; DP: diâmetro da planta; NP: número de perfilhos; MST: matéria seca total.

Na Figura 2 são apresentadas as associações genéticas entre os caracteres forrageiros estudados em 116 genótipos de *P. notatum*. Ressalta-se que o teste t

identificou associações estatisticamente significativas ($***p < 0,001$), com valores excedendo 0,60 (Figura 2). Esses resultados indicam uma associação genética positiva entre todos os pares de caracteres forrageiros. As associações variaram de 0,68 para DP e NP à 0,87 NP e MST (Figura 2). Dada as correlações positivas, todas as práticas de melhoramento adotadas aumentaram os demais caracteres no mesmo sentido.

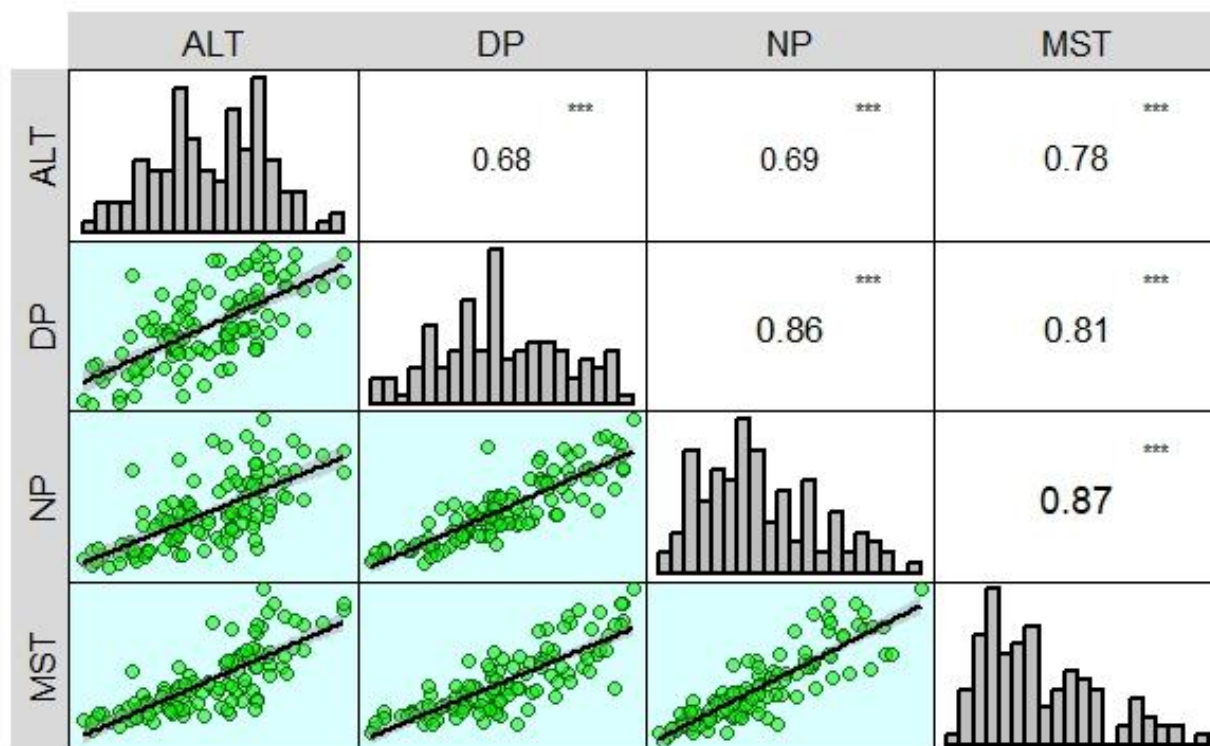


Figura 2. Estimativas de correlações genéticas entre caracteres de produção forrageira em 116 genótipos de *P. notatum* via BLUP.

*ns $p \geq 0,05$; * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$ e *** $p < 0,001$.

Os 116 genótipos estudados foram ranqueados conforme o valor genético predito para as quatro variáveis estudadas e são descritos nas Tabelas 3, 4, 5 e 6. O critério de seleção dos genótipos de *P. notatum* foi o ganho de seleção (GS) de no mínimo 20% em relação à média do caractere. Por tanto, foram selecionados 11 genótipos (Tabela 3) dos 116, correspondendo a 9,48% dos genótipos estudados para o caractere altura de planta (Tabela 3). Os genótipos 6, 26, 2, 48, 20, 31, 106, 36, 16, 57 e 28 são indicados para as próximas fases do programa visando o aumento no caractere ALT, via seleção univariada (Tabela 3). Seguindo o critério estabelecido de no mínimo 20% de ganho em relação à média, foram selecionados 15 genótipos, correspondendo à 12,93% dos genótipos estudados para o caractere diâmetro de planta (Tabela 4). Sendo assim, os genótipos 38, 26, 31, 51, 1003, 105, 801, 30, 1001,

13, 106, 9, 8, Q4188 e 57 são indicados para as próximas fases do programa visando o aumento no caractere DP, via seleção univariada (Tabela 4). Para o caractere número de perfilhos (NP) foram selecionados 29 genótipos, correspondendo à 25% dos genótipos estudados para o caractere NP (Tabela 5). Os genótipos 38, 1001, 106, 801, 51, 104, 20, 6, 2, 1003, 113, 30, 1102, Q4188, 31, 46, 16, 8, 26, 45, 1201, 13, 57, 3, 21, 55, 107, 4 e 601 são indicados para as próximas fases do programa visando o aumento no caractere NP, via seleção univariada (Tabela 5). Por fim, o caractere massa seca total (MST) foram selecionados 28 genótipos, correspondendo à 24,13% dos genótipos estudados para o caractere MST (Tabela 6). Os genótipos 38, 1003, 26, 6, 13, 16, 31, 2, 801, 51, 20, 35, 8, 1102, 30, 601, 106, 45, 1001, 48, 46, 9, 4, 14, 55, 3, 57 e 29 são indicados para as próximas fases do programa visando o aumento no caractere MST, via seleção univariada (Tabela 6).

Tabela 3. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de *P. notatum* para o caractere altura de planta considerando o desempenho médio dos cortes do experimento.

Ordem	Genótipo	ALT (cm)					
		G	u+g	ganho	\bar{X} nova	u+g+gem	GS
1	6	6,62	24,68	6,62	24,68	25,11	36,62
2	26	6,57	24,64	6,59	24,66	25,06	36,35
3	2	5,53	23,60	6,24	24,31	23,95	30,60
4	48	4,63	22,70	5,84	23,90	23,00	25,62
5	20	4,63	22,70	5,59	23,66	23,00	25,62
6	31	4,25	22,32	5,37	23,44	22,59	23,53
7	106	4,11	22,18	5,19	23,26	22,44	22,75
8	36	3,87	21,94	5,03	23,09	22,19	21,44
9	16	3,78	21,85	4,89	22,95	22,09	20,91
10	57	3,76	21,83	4,77	22,84	22,07	20,82
11	28	3,59	21,66	4,67	22,73	21,89	19,87
12	1003	3,26	21,33	4,55	22,62	21,54	18,04
13	46	3,06	21,13	4,44	22,50	21,32	16,94
14	12	2,97	21,04	4,33	22,40	21,23	16,47
15	34	2,97	21,04	4,24	22,31	21,23	16,47
16	14	2,91	20,98	4,16	22,23	21,17	16,12
17	13	2,88	20,95	4,08	22,15	21,13	15,94
18	38	2,71	20,78	4,01	22,07	20,95	14,99
19	35	2,64	20,71	3,93	22,00	20,88	14,63
20	45	2,45	20,52	3,86	21,93	20,68	13,59
21	30	2,45	20,52	3,79	21,86	20,68	13,59
22	51	2,45	20,52	3,73	21,80	20,68	13,59

23	306	2,41	20,48	3,67	21,74	20,63	13,32
24	24	2,41	20,48	3,62	21,69	20,63	13,32
25	102	2,41	20,48	3,57	21,64	20,63	13,32
26	3	2,36	20,43	3,53	21,59	20,58	13,06
27	KF6	2,36	20,43	3,48	21,55	20,58	13,06
28	42	2,36	20,43	3,44	21,51	20,58	13,06
29	1102	2,29	20,36	3,40	21,47	20,51	12,70
30	29	2,23	20,29	3,36	21,43	20,44	12,33
31	601	2,22	20,29	3,33	21,40	20,43	12,28
32	17	2,17	20,24	3,29	21,36	20,38	12,02
33	55	2,06	20,12	3,25	21,32	20,26	11,38
34	1001	1,89	19,96	3,21	21,28	20,08	10,45
35	118	1,82	19,88	3,17	21,24	20,00	10,05
36	10	1,77	19,84	3,13	21,20	19,95	9,79
37	205	1,70	19,76	3,10	21,16	19,87	9,39
38	9	1,69	19,76	3,06	21,13	19,87	9,38
39	4	1,59	19,66	3,02	21,09	19,76	8,79
40	23	1,46	19,53	2,98	21,05	19,62	8,09
41	21	1,41	19,48	2,94	21,01	19,57	7,83
42	110	1,37	19,44	2,91	20,97	19,52	7,57
43	52	1,22	19,29	2,87	20,94	19,37	6,77
44	203	1,19	19,26	2,83	20,90	19,33	6,57
45	8	1,17	19,24	2,79	20,86	19,31	6,47
46	KF4KF6	1,16	19,22	2,76	20,82	19,30	6,40
47	114	1,11	19,18	2,72	20,79	19,25	6,15
48	204	1,05	19,12	2,69	20,75	19,19	5,81
49	22	1,04	19,10	2,65	20,72	19,17	5,74
50	18	1,00	19,06	2,62	20,69	19,13	5,52
51	50	0,99	19,06	2,59	20,66	19,12	5,48
52	107	0,99	19,06	2,56	20,63	19,12	5,47
53	104	0,94	19,01	2,53	20,59	19,07	5,21
54	25	0,65	18,72	2,49	20,56	18,76	3,60
55	105	0,61	18,68	2,46	20,53	18,72	3,38
56	19	0,52	18,58	2,42	20,49	18,62	2,86
57	801	0,33	18,39	2,39	20,45	18,42	1,81
58	1100	0,11	18,18	2,35	20,42	18,19	0,63
59	405	0,04	18,11	2,31	20,38	18,11	0,24
60	47	-0,12	17,95	2,27	20,34	17,94	-0,65
61	37	-0,20	17,87	2,23	20,30	17,86	-1,08
62	112	-0,45	17,62	2,18	20,25	17,59	-2,49
63	41	-0,57	17,50	2,14	20,21	17,46	-3,16
64	1201	-0,57	17,50	2,10	20,17	17,46	-3,16
65	202	-0,64	17,43	2,06	20,12	17,39	-3,53
66	111	-0,86	17,21	2,01	20,08	17,16	-4,73
67	602	-0,86	17,21	1,97	20,04	17,16	-4,73
68	56	-0,86	17,21	1,93	20,00	17,16	-4,73

69	49	-0,91	17,16	1,89	19,95	17,10	-5,04
70	KM2	-0,97	17,09	1,85	19,91	17,03	-5,39
71	53	-1,09	16,98	1,80	19,87	16,91	-6,04
72	207	-1,14	16,93	1,76	19,83	16,86	-6,30
73	54	-1,15	16,92	1,72	19,79	16,85	-6,34
74	33	-1,29	16,78	1,68	19,75	16,70	-7,12
75	113	-1,31	16,76	1,64	19,71	16,68	-7,24
76	1002	-1,32	16,75	1,60	19,67	16,66	-7,29
77	403	-1,33	16,74	1,57	19,63	16,65	-7,36
78	5	-1,34	16,73	1,53	19,60	16,64	-7,41
79	1	-1,38	16,69	1,49	19,56	16,60	-7,61
80	307	-1,43	16,63	1,46	19,52	16,54	-7,93
81	44	-1,55	16,51	1,42	19,49	16,41	-8,61
82	43	-1,60	16,47	1,38	19,45	16,36	-8,86
83	7	-1,61	16,46	1,35	19,41	16,35	-8,92
84	201	-1,66	16,41	1,31	19,38	16,30	-9,18
85	701	-1,72	16,35	1,27	19,34	16,24	-9,51
86	103	-1,83	16,24	1,24	19,31	16,12	-10,14
87	502	-1,85	16,22	1,20	19,27	16,10	-10,24
88	209	-2,00	16,06	1,17	19,23	15,94	-11,09
89	108	-2,01	16,05	1,13	19,20	15,93	-11,14
90	101	-2,07	16,00	1,09	19,16	15,86	-11,46
91	301	-2,18	15,89	1,06	19,13	15,75	-12,06
92	402	-2,49	15,58	1,02	19,09	15,42	-13,78
93	109	-2,51	15,56	0,98	19,05	15,40	-13,89
94	501	-2,79	15,27	0,94	19,01	15,09	-15,46
95	302	-2,82	15,25	0,90	18,97	15,07	-15,61
96	32	-2,86	15,21	0,86	18,93	15,03	-15,81
97	404	-3,00	15,07	0,82	18,89	14,88	-16,58
98	401	-3,05	15,01	0,78	18,85	14,82	-16,90
99	503	-3,07	15,00	0,75	18,81	14,80	-16,99
100	305	-3,35	14,71	0,70	18,77	14,50	-18,57
101	11	-3,36	14,71	0,66	18,73	14,49	-18,61
102	15	-3,42	14,65	0,62	18,69	14,43	-18,91
103	PN14P3	-3,45	14,62	0,58	18,65	14,40	-19,09
104	Q4188	-3,60	14,47	0,54	18,61	14,24	-19,91
105	27	-3,69	14,38	0,50	18,57	14,14	-20,43
106	304	-3,71	14,36	0,46	18,53	14,12	-20,52
107	802	-4,02	14,05	0,42	18,49	13,79	-22,26
108	39	-4,12	13,94	0,38	18,45	13,68	-22,83
109	40	-4,19	13,87	0,34	18,41	13,60	-23,21
110	60	-4,65	13,42	0,29	18,36	13,12	-25,71
111	303	-4,94	13,13	0,25	18,31	12,81	-27,32
112	PEN	-5,20	12,87	0,20	18,26	12,54	-28,77
113	KD7	-5,27	12,80	0,15	18,22	12,46	-29,15
114	308	-5,43	12,64	0,10	18,17	12,29	-30,05

115	KD9	-5,44	12,62	0,05	18,12	12,27	-30,13
116	206	-5,91	12,15	0,00	18,07	11,77	-32,73

*g: efeitos genotípicos; u + g: valores genotípicos preditos, livres de toda interação com cortes; G: ganho; \bar{X}_{new} : nova média; u + g + gem: valor genotípico médio nos cortes estudados e capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados; GS (%): ganho individual de seleção em relação à média geral dos genótipos em porcentagem.

Tabela 4. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de *P. notatum* para o caractere diâmetro de planta considerando o desempenho médio dos cortes do experimento.

Ordem	Genótipo	DP (cm)					
		G	u+g	ganho	\bar{X} nova	u+g+gem	GS
1	38	6,40	27,52	6,40	27,52	28,01	30,31
2	26	5,94	27,06	6,17	27,29	27,51	28,13
3	31	5,90	27,02	6,08	27,20	27,47	27,94
4	51	5,78	26,90	6,01	27,13	27,34	27,38
5	1003	5,78	26,90	5,96	27,08	27,34	27,38
6	105	5,50	26,62	5,89	27,00	27,04	26,06
7	801	5,46	26,58	5,83	26,94	27,00	25,88
8	30	5,19	26,31	5,75	26,86	26,70	24,56
9	1001	5,11	26,23	5,67	26,79	26,62	24,19
10	13	4,83	25,95	5,59	26,71	26,32	22,88
11	106	4,79	25,91	5,52	26,64	26,28	22,69
12	9	4,69	25,81	5,45	26,57	26,16	22,19
13	8	4,35	25,47	5,36	26,48	25,80	20,60
14	Q4188	4,28	25,40	5,29	26,41	25,72	20,26
15	57	4,16	25,28	5,21	26,33	25,60	19,70
16	46	4,10	25,21	5,14	26,26	25,53	19,39
17	12	4,00	25,12	5,07	26,19	25,43	18,94
18	6	3,72	24,84	5,00	26,12	25,13	17,63
19	1201	3,37	24,49	4,91	26,03	24,74	15,95
20	2	3,33	24,45	4,83	25,95	24,70	15,76
21	16	3,29	24,41	4,76	25,88	24,66	15,57
22	36	3,29	24,41	4,69	25,81	24,66	15,57
23	20	3,09	24,21	4,62	25,74	24,45	14,63
24	102	2,93	24,05	4,55	25,67	24,28	13,88
25	405	2,77	23,89	4,48	25,60	24,10	13,13
26	301	2,66	23,77	4,41	25,53	23,98	12,57
27	45	2,58	23,70	4,34	25,46	23,89	12,20
28	4	2,48	23,60	4,28	25,40	23,79	11,73
29	111	2,46	23,58	4,21	25,33	23,76	11,63
30	601	2,26	23,38	4,15	25,27	23,55	10,70
31	35	2,18	23,30	4,09	25,21	23,47	10,32
32	55	2,16	23,28	4,03	25,14	23,44	10,21
33	107	1,90	23,02	3,96	25,08	23,17	9,01
34	3	1,90	23,02	3,90	25,02	23,17	9,01
35	113	1,89	23,01	3,84	24,96	23,16	8,97

36	1102	1,78	22,90	3,79	24,91	23,04	8,43
37	602	1,67	22,79	3,73	24,85	22,91	7,89
38	17	1,55	22,67	3,67	24,79	22,78	7,33
39	21	1,43	22,55	3,61	24,73	22,66	6,76
40	207	1,31	22,43	3,56	24,68	22,53	6,20
41	23	1,19	22,31	3,50	24,62	22,40	5,64
42	14	0,92	22,04	3,44	24,56	22,11	4,37
43	203	0,84	21,96	3,38	24,50	22,02	3,98
44	109	0,80	21,91	3,32	24,44	21,98	3,76
45	403	0,76	21,88	3,26	24,38	21,94	3,60
46	28	0,60	21,72	3,20	24,32	21,76	2,83
47	49	0,46	21,58	3,15	24,26	21,61	2,16
48	401	0,38	21,50	3,09	24,21	21,53	1,82
49	41	0,24	21,36	3,03	24,15	21,38	1,14
50	29	0,09	21,21	2,97	24,09	21,22	0,42
51	201	-0,04	21,08	2,91	24,03	21,08	-0,17
52	KF4KF6	-0,07	21,05	2,85	23,97	21,04	-0,34
53	205	-0,10	21,02	2,80	23,92	21,01	-0,49
54	18	-0,11	21,01	2,74	23,86	21,00	-0,51
55	10	-0,20	20,92	2,69	23,81	20,91	-0,94
56	501	-0,23	20,89	2,64	23,76	20,87	-1,11
57	118	-0,24	20,88	2,59	23,71	20,86	-1,15
58	402	-0,25	20,87	2,54	23,66	20,85	-1,20
59	48	-0,31	20,81	2,49	23,61	20,78	-1,48
60	101	-0,34	20,78	2,44	23,56	20,75	-1,62
61	202	-0,36	20,76	2,40	23,52	20,74	-1,69
62	110	-0,43	20,69	2,35	23,47	20,65	-2,04
63	34	-0,43	20,69	2,31	23,43	20,65	-2,04
64	103	-0,47	20,65	2,26	23,38	20,61	-2,23
65	42	-0,55	20,57	2,22	23,34	20,53	-2,61
66	204	-0,56	20,56	2,18	23,30	20,51	-2,66
67	502	-0,58	20,54	2,14	23,26	20,49	-2,75
68	104	-0,63	20,49	2,10	23,22	20,44	-2,98
69	1	-0,79	20,33	2,06	23,17	20,27	-3,72
70	27	-0,87	20,25	2,01	23,13	20,19	-4,11
71	53	-0,91	20,21	1,97	23,09	20,14	-4,29
72	108	-1,00	20,12	1,93	23,05	20,05	-4,72
73	701	-1,07	20,05	1,89	23,01	19,96	-5,09
74	5	-1,17	19,95	1,85	22,97	19,86	-5,54
75	24	-1,34	19,78	1,81	22,93	19,67	-6,35
76	22	-1,38	19,74	1,76	22,88	19,63	-6,54
77	50	-1,61	19,51	1,72	22,84	19,38	-7,63
78	52	-1,63	19,49	1,68	22,80	19,37	-7,70
79	19	-1,66	19,46	1,64	22,75	19,33	-7,85
80	112	-1,73	19,39	1,59	22,71	19,25	-8,21
81	307	-1,82	19,30	1,55	22,67	19,17	-8,59
82	44	-1,85	19,27	1,51	22,63	19,13	-8,76
83	43	-1,88	19,24	1,47	22,59	19,09	-8,91
84	306	-1,90	19,22	1,43	22,55	19,08	-8,98
85	37	-1,90	19,22	1,39	22,51	19,08	-8,98

86	KF6	-1,94	19,18	1,35	22,47	19,04	-9,16
87	1002	-2,18	18,94	1,31	22,43	18,77	-10,34
88	1100	-2,26	18,86	1,27	22,39	18,69	-10,68
89	802	-2,26	18,86	1,23	22,35	18,69	-10,69
90	56	-2,29	18,83	1,19	22,31	18,65	-10,85
91	7	-2,41	18,71	1,15	22,27	18,52	-11,41
92	302	-2,48	18,64	1,11	22,23	18,45	-11,75
93	404	-2,79	18,33	1,07	22,19	18,12	-13,21
94	503	-2,93	18,19	1,03	22,15	17,97	-13,87
95	KD7	-3,09	18,03	0,98	22,10	17,79	-14,64
96	KD9	-3,30	17,82	0,94	22,06	17,57	-15,63
97	114	-3,39	17,73	0,89	22,01	17,47	-16,04
98	209	-3,40	17,72	0,85	21,97	17,46	-16,10
99	305	-3,42	17,70	0,81	21,93	17,44	-16,18
100	PN14P3	-3,52	17,60	0,76	21,88	17,33	-16,67
101	32	-3,57	17,55	0,72	21,84	17,28	-16,89
102	25	-3,57	17,55	0,68	21,80	17,28	-16,90
103	KM2	-3,59	17,52	0,64	21,76	17,25	-17,02
104	60	-3,79	17,33	0,60	21,71	17,04	-17,93
105	304	-3,88	17,24	0,55	21,67	16,95	-18,35
106	PEN	-4,12	17,00	0,51	21,63	16,68	-19,52
107	11	-4,33	16,79	0,46	21,58	16,46	-20,50
108	33	-4,37	16,75	0,42	21,54	16,41	-20,70
109	303	-4,55	16,57	0,37	21,49	16,22	-21,56
110	47	-4,89	16,23	0,33	21,44	15,86	-23,14
111	54	-5,70	15,42	0,27	21,39	14,98	-26,99
112	15	-5,70	15,42	0,22	21,34	14,98	-27,01
113	39	-5,76	15,36	0,17	21,28	14,92	-27,26
114	206	-6,09	15,03	0,11	21,23	14,57	-28,81
115	40	-6,22	14,90	0,06	21,17	14,42	-29,47
116	308	-6,34	14,78	0,00	21,12	14,30	-30,02

*g: efeitos genotípicos; u + g: valores genotípicos preditos, livres de toda interação com cortes; G: ganho; \bar{X}_{new} : nova média; u + g + gem: valor genotípico médio nos cortes estudados e capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados; GS (%): ganho individual de seleção em relação à média geral dos genótipos em porcentagem.

Tabela 5. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de *P. notatum* para o caractere número de perfilhos considerando o desempenho médio dos cortes do experimento.

Ordem	Genótipo	NP (nº)					
		G	u+g	ganho	\bar{X} nova	u+g+gem	GS
1	38	39,64	96,85	39,64	96,85	100,76	69,30
2	1001	32,57	89,78	36,11	93,31	92,99	56,94
3	106	30,90	88,11	34,37	91,58	91,15	54,01
4	801	30,55	87,75	33,42	90,62	90,77	53,40
5	51	28,10	85,30	32,35	89,56	88,08	49,11

6	104	27,63	84,84	31,56	88,77	87,56	48,30
7	20	26,19	83,39	30,80	88,00	85,98	45,78
8	6	25,88	83,08	30,18	87,39	85,64	45,23
9	2	24,32	81,53	29,53	86,74	83,93	42,51
10	1003	24,12	81,33	28,99	86,20	83,71	42,17
11	113	22,65	79,86	28,41	85,62	82,09	39,59
12	30	20,97	78,18	27,79	85,00	80,25	36,66
13	1102	20,68	77,89	27,25	84,45	79,93	36,15
14	Q 41 88	18,56	75,76	26,63	83,83	77,60	32,44
15	31	17,90	75,10	26,04	83,25	76,87	31,28
16	46	17,82	75,02	25,53	82,74	76,78	31,15
17	16	17,51	74,71	25,06	82,26	76,44	30,60
18	8	17,48	74,68	24,64	81,84	76,41	30,55
19	26	17,31	74,52	24,25	81,46	76,23	30,26
20	45	17,27	74,48	23,90	81,11	76,18	30,19
21	1201	14,08	71,29	23,43	80,64	72,68	24,61
22	13	13,96	71,17	23,00	80,21	72,55	24,41
23	57	13,83	71,03	22,60	79,81	72,40	24,17
24	3	13,54	70,74	22,23	79,43	72,08	23,66
25	21	13,50	70,70	21,88	79,08	72,04	23,59
26	55	13,06	70,27	21,54	78,75	71,56	22,83
27	107	11,98	69,19	21,18	78,39	70,37	20,94
28	4	11,65	68,85	20,84	78,05	70,00	20,36
29	601	11,59	68,80	20,52	77,73	69,94	20,26
30	102	9,88	67,08	20,17	77,38	68,06	17,26
31	105	9,45	66,65	19,82	77,03	67,59	16,52
32	35	9,33	66,54	19,50	76,70	67,46	16,31
33	28	7,07	64,28	19,12	76,33	64,98	12,36
34	36	6,41	63,62	18,75	75,95	64,25	11,21
35	10	6,19	63,39	18,39	75,59	64,01	10,82
36	48	5,63	62,84	18,03	75,24	63,40	9,85
37	42	5,13	62,33	17,68	74,89	62,84	8,96
38	201	5,13	62,33	17,35	74,56	62,84	8,96
39	49	4,49	61,70	17,02	74,23	62,14	7,85
40	12	4,23	61,44	16,70	73,91	61,86	7,40
41	111	4,15	61,36	16,40	73,60	61,77	7,26
42	23	3,34	60,55	16,09	73,29	60,88	5,84
43	101	2,68	59,89	15,78	72,98	60,15	4,69
44	56	2,48	59,69	15,47	72,68	59,93	4,33
45	34	1,12	58,32	15,15	72,36	58,43	1,95
46	118	0,77	57,97	14,84	72,05	58,05	1,34
47	53	0,65	57,86	14,54	71,75	57,92	1,14
48	52	0,62	57,82	14,25	71,46	57,89	1,08
49	18	0,57	57,77	13,97	71,18	57,83	0,99
50	503	0,54	57,74	13,70	70,91	57,80	0,94
51	403	0,45	57,66	13,44	70,65	57,70	0,79

52	202	0,43	57,63	13,19	70,40	57,68	0,75
53	9	0,13	57,34	12,94	70,15	57,35	0,23
54	602	-1,14	56,07	12,68	69,89	55,95	-1,99
55	24	-1,37	55,83	12,43	69,63	55,70	-2,40
56	14	-1,95	55,26	12,17	69,38	55,07	-3,40
57	22	-1,96	55,25	11,92	69,13	55,05	-3,42
58	405	-2,46	54,74	11,68	68,88	54,50	-4,31
59	301	-2,50	54,70	11,44	68,64	54,46	-4,38
60	41	-2,85	54,35	11,20	68,40	54,07	-4,99
61	502	-3,35	53,86	10,96	68,17	53,53	-5,85
62	108	-3,68	53,53	10,72	67,93	53,16	-6,44
63	205	-3,88	53,32	10,49	67,70	52,94	-6,79
64	5	-4,01	53,20	10,26	67,47	52,80	-7,01
65	1100	-4,19	53,02	10,04	67,25	52,61	-7,32
66	103	-4,25	52,96	9,83	67,03	52,54	-7,42
67	17	-4,53	52,68	9,61	66,82	52,23	-7,91
68	402	-4,97	52,23	9,40	66,60	51,74	-8,70
69	207	-5,42	51,78	9,18	66,39	51,25	-9,48
70	401	-5,48	51,73	8,97	66,18	51,19	-9,58
71	KM 2	-5,63	51,58	8,77	65,97	51,03	-9,83
72	29	-5,74	51,46	8,57	65,77	50,90	-10,04
73	203	-6,13	51,08	8,36	65,57	50,48	-10,71
74	1	-6,13	51,08	8,17	65,37	50,48	-10,71
75	109	-7,10	50,11	7,96	65,17	49,41	-12,41
76	KF4 KF6	-7,19	50,02	7,77	64,97	49,31	-12,56
77	110	-7,84	49,37	7,56	64,77	48,60	-13,70
78	112	-8,11	49,10	7,36	64,57	48,30	-14,17
79	50	-8,17	49,04	7,17	64,37	48,23	-14,28
80	43	-8,51	48,69	6,97	64,18	47,85	-14,88
81	37	-9,03	48,18	6,77	63,98	47,29	-15,78
82	1002	-9,48	47,72	6,57	63,78	46,79	-16,58
83	7	-9,86	47,35	6,38	63,58	46,37	-17,24
84	19	-10,41	46,80	6,18	63,38	45,77	-18,19
85	307	-11,18	46,02	5,97	63,18	44,92	-19,55
86	44	-11,22	45,99	5,77	62,98	44,88	-19,61
87	KF 6	-11,30	45,90	5,58	62,78	44,79	-19,76
88	204	-11,36	45,84	5,38	62,59	44,72	-19,86
89	701	-11,77	45,43	5,19	62,40	44,27	-20,58
90	27	-11,85	45,36	5,00	62,21	44,19	-20,71
91	25	-12,12	45,09	4,81	62,02	43,89	-21,18
92	802	-13,60	43,61	4,61	61,82	42,27	-23,77
93	304	-14,05	43,16	4,41	61,62	41,77	-24,55
94	306	-14,61	42,60	4,21	61,42	41,15	-25,54
95	209	-15,07	42,14	4,01	61,21	40,65	-26,34
96	PEN	-15,37	41,84	3,81	61,01	40,32	-26,86
97	501	-15,43	41,78	3,61	60,81	40,26	-26,97

98	KD 9	-15,43	41,78	3,41	60,62	40,26	-26,97
99	PN 14 P3	-15,87	41,34	3,22	60,42	39,77	-27,74
100	32	-15,96	41,24	3,03	60,23	39,67	-27,91
101	47	-16,13	41,07	2,84	60,04	39,48	-28,20
102	302	-16,42	40,78	2,65	59,85	39,16	-28,71
103	11	-17,40	39,81	2,45	59,66	38,09	-30,41
104	39	-17,41	39,80	2,26	59,47	38,08	-30,43
105	114	-17,51	39,69	2,07	59,28	37,97	-30,61
106	54	-17,84	39,36	1,89	59,09	37,60	-31,19
107	33	-18,03	39,18	1,70	58,91	37,40	-31,51
108	303	-18,03	39,18	1,52	58,72	37,40	-31,52
109	404	-18,33	38,87	1,33	58,54	37,06	-32,05
110	15	-18,77	38,44	1,15	58,36	36,59	-32,81
111	206	-19,13	38,08	0,97	58,18	36,19	-33,43
112	KD 7	-20,14	37,06	0,78	57,99	35,08	-35,21
113	305	-20,29	36,91	0,59	57,80	34,91	-35,47
114	40	-21,26	35,95	0,40	57,61	33,85	-37,17
115	308	-22,49	34,72	0,20	57,41	32,50	-39,31
116	60	-23,40	33,81	0,00	57,21	31,50	-40,90

*g: efeitos genotípicos; u + g: valores genotípicos preditos, livres de toda interação com cortes; G: ganho; \bar{X}_{new} : nova média; u + g + gem: valor genotípico médio nos cortes estudados e capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados; GS (%): ganho individual de seleção em relação à média geral dos genótipos em porcentagem.

Tabela 6. Melhor predição linear imparcial (BLUP) de 116 genótipos de *P. notatum* para o caractere massa seca total considerando o desempenho médio dos cortes do experimento.

MST (g)							
Ordem	Genótipo	G	u+g	ganho	\bar{X}_{nova}	u+g+gem	GS
1	38	16,78	36,50	16,78	36,50	39,16	85,11
2	1003	14,38	34,10	15,58	35,30	36,38	72,95
3	26	14,36	34,07	15,17	34,89	36,35	72,80
4	6	13,18	32,89	14,67	34,39	34,98	66,82
5	13	12,74	32,46	14,29	34,00	34,47	64,60
6	16	11,80	31,52	13,87	33,59	33,39	59,84
7	31	11,13	30,85	13,48	33,20	32,61	56,46
8	2	10,84	30,56	13,15	32,87	32,27	54,97
9	801	10,64	30,36	12,87	32,59	32,04	53,97
10	51	10,41	30,13	12,63	32,34	31,78	52,81
11	20	10,24	29,96	12,41	32,13	31,58	51,92
12	35	9,85	29,57	12,20	31,91	31,12	49,94
13	8	9,71	29,43	12,00	31,72	30,97	49,26
14	1102	9,17	28,89	11,80	31,52	30,34	46,50
15	30	8,69	28,41	11,59	31,31	29,78	44,07

16	601	6,25	25,97	11,26	30,98	26,96	31,71
17	106	6,01	25,73	10,95	30,67	26,68	30,49
18	45	5,84	25,55	10,67	30,39	26,48	29,60
19	1001	5,69	25,41	10,41	30,12	26,31	28,88
20	48	5,69	25,40	10,17	29,89	26,30	28,84
21	46	5,34	25,06	9,94	29,66	25,90	27,07
22	9	4,93	24,65	9,71	29,43	25,43	25,01
23	4	4,91	24,62	9,50	29,22	25,40	24,89
24	14	4,65	24,36	9,30	29,02	25,10	23,57
25	55	4,51	24,23	9,11	28,83	24,95	22,90
26	3	4,51	24,23	8,93	28,65	24,94	22,86
27	57	4,51	24,23	8,77	28,49	24,94	22,86
28	29	4,19	23,91	8,61	28,32	24,57	21,26
29	52	3,81	23,53	8,44	28,16	24,13	19,32
30	107	3,73	23,45	8,28	28,00	24,04	18,91
31	21	3,73	23,44	8,14	27,85	24,03	18,90
32	104	3,40	23,12	7,99	27,71	23,65	17,23
33	12	3,00	22,71	7,84	27,55	23,19	15,20
34	102	2,81	22,53	7,69	27,41	22,97	14,24
35	113	2,71	22,42	7,55	27,26	22,85	13,72
36	28	2,67	22,39	7,41	27,13	22,81	13,53
37	42	2,50	22,22	7,28	27,00	22,61	12,68
38	18	2,25	21,97	7,15	26,86	22,33	11,44
39	Q 41 88	1,90	21,62	7,01	26,73	21,92	9,63
40	23	1,84	21,56	6,88	26,60	21,85	9,34
41	36	1,59	21,30	6,75	26,47	21,56	8,05
42	111	1,33	21,04	6,62	26,34	21,25	6,72
43	34	0,95	20,67	6,49	26,21	20,82	4,81
44	118	0,42	20,13	6,35	26,07	20,20	2,11
45	1201	0,17	19,89	6,22	25,93	19,92	0,87
46	405	-0,01	19,71	6,08	25,80	19,71	-0,03
47	50	-0,42	19,29	5,94	25,66	19,23	-2,15
48	KM 2	-0,45	19,27	5,81	25,53	19,19	-2,29
49	22	-0,50	19,22	5,68	25,40	19,14	-2,52
50	1100	-0,58	19,14	5,56	25,27	19,05	-2,92
51	202	-0,82	18,89	5,43	25,15	18,76	-4,18
52	41	-0,83	18,89	5,31	25,03	18,75	-4,22
53	49	-0,90	18,82	5,19	24,91	18,68	-4,54
54	10	-0,92	18,80	5,08	24,80	18,66	-4,65
55	403	-0,93	18,79	4,97	24,69	18,64	-4,70
56	203	-0,98	18,74	4,86	24,58	18,59	-4,95
57	5	-1,07	18,65	4,76	24,48	18,48	-5,44
58	105	-1,12	18,59	4,66	24,38	18,42	-5,70
59	101	-1,24	18,48	4,56	24,28	18,28	-6,30
60	602	-1,54	18,18	4,46	24,18	17,94	-7,80
61	17	-1,61	18,11	4,36	24,08	17,86	-8,15

62	37	-1,91	17,81	4,26	23,97	17,51	-9,66
63	110	-1,93	17,79	4,16	23,88	17,48	-9,79
64	209	-1,95	17,77	4,06	23,78	17,46	-9,89
65	43	-1,96	17,75	3,97	23,69	17,44	-9,96
66	19	-2,12	17,60	3,88	23,60	17,26	-10,75
67	401	-2,28	17,44	3,79	23,50	17,08	-11,55
68	1002	-2,46	17,26	3,69	23,41	16,87	-12,48
69	301	-2,67	17,04	3,60	23,32	16,62	-13,56
70	53	-2,70	17,02	3,51	23,23	16,59	-13,68
71	24	-3,15	16,57	3,42	23,14	16,07	-15,98
72	44	-3,38	16,34	3,32	23,04	15,81	-17,13
73	KF4 KF6	-3,44	16,27	3,23	22,95	15,73	-17,47
74	205	-3,57	16,15	3,14	22,86	15,59	-18,09
75	306	-3,62	16,09	3,05	22,77	15,52	-18,37
76	302	-3,66	16,05	2,96	22,68	15,47	-18,58
77	112	-3,89	15,83	2,87	22,59	15,21	-19,74
78	PN 14 P3	-3,94	15,78	2,78	22,50	15,15	-19,99
79	108	-3,96	15,76	2,70	22,42	15,13	-20,09
80	404	-4,05	15,67	2,61	22,33	15,02	-20,55
81	503	-4,23	15,49	2,53	22,25	14,82	-21,45
82	7	-4,44	15,28	2,45	22,16	14,58	-22,50
83	402	-4,47	15,25	2,36	22,08	14,54	-22,67
84	307	-4,53	15,19	2,28	22,00	14,47	-22,98
85	304	-4,56	15,16	2,20	21,92	14,43	-23,14
86	1	-4,58	15,13	2,12	21,84	14,41	-23,25
87	103	-4,67	15,05	2,04	21,76	14,31	-23,70
88	56	-4,79	14,92	1,96	21,68	14,16	-24,32
89	25	-4,80	14,92	1,89	21,61	14,16	-24,32
90	207	-4,86	14,86	1,81	21,53	14,09	-24,64
91	204	-4,89	14,83	1,74	21,46	14,05	-24,81
92	502	-4,90	14,81	1,67	21,39	14,04	-24,87
93	KF 6	-5,10	14,61	1,60	21,31	13,81	-25,88
94	11	-5,14	14,58	1,52	21,24	13,76	-26,07
95	39	-5,34	14,38	1,45	21,17	13,53	-27,08
96	33	-5,40	14,31	1,38	21,10	13,46	-27,41
97	701	-5,52	14,20	1,31	21,03	13,33	-27,98
98	501	-5,72	14,00	1,24	20,95	13,10	-28,99
99	303	-5,75	13,96	1,17	20,88	13,05	-29,18
100	PEN	-5,77	13,95	1,10	20,81	13,03	-29,28
101	114	-5,86	13,86	1,03	20,75	12,93	-29,70
102	201	-5,89	13,83	0,96	20,68	12,90	-29,86
103	47	-6,04	13,68	0,89	20,61	12,72	-30,64
104	54	-6,24	13,47	0,82	20,54	12,49	-31,67
105	802	-6,37	13,35	0,76	20,47	12,34	-32,31
106	305	-6,49	13,23	0,69	20,40	12,20	-32,91
107	15	-6,49	13,23	0,62	20,34	12,20	-32,93

108	32	-6,60	13,12	0,55	20,27	12,07	-33,49
109	KD 7	-6,66	13,06	0,49	20,20	12,00	-33,78
110	206	-6,96	12,75	0,42	20,14	11,65	-35,32
111	27	-7,01	12,70	0,35	20,07	11,59	-35,57
112	60	-7,34	12,37	0,28	20,00	11,21	-37,25
113	109	-7,38	12,34	0,22	19,93	11,17	-37,41
114	KD 9	-7,40	12,32	0,15	19,87	11,15	-37,52
115	40	-8,08	11,64	0,08	19,79	10,36	-40,99
116	308	-8,87	10,84	0,00	19,72	9,44	-45,00

*g: efeitos genotípicos; u + g: valores genotípicos preditos, livres de toda interação com cortes; G: ganho; \bar{X}_{new} : nova média; u + g + gem: valor genotípico médio nos cortes estudados e capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados; GS (%): ganho individual de seleção em relação à média geral dos genótipos em porcentagem.

O método de otimização original de Tocher original resultou na formação de dez grupos, enquanto o método de Tocher sequencial produziu apenas sete grupos. Ambos métodos apresentaram uma concentração significativa de ecótipos no Grupo I (Tabela 7). Segundo o método de Tocher original, o Grupo I incluiu 69,83% dos genótipos estudados, enquanto os Grupos II, III e IV representaram apenas 10,34%, 4,31% e 6,03% dos genótipos (Tabela 7). Os Grupos VI e VII contaram com 2,59% cada, enquanto os outros grupos abrigaram menos de 1% cada. Em relação aos valores médios de grupos, o grupo VII, composto pelos genótipos 13, 26 e 9 demonstrou os valores mais elevados para ALT (21,78 cm). Enquanto o grupo V, composto pelos genótipos 38 e 801, apresentou os maiores valores de DP (27,05 cm), NP (92) e MST (33,43 g) em comparação com os demais grupos formados (Tabela 7). Em relação ao Grupo I, que abrigou a maioria dos ecótipos, observaram-se valores intermediários para a maioria dos caracteres forrageiros estudados (Tabela 7).

Já pelo método de Tocher sequencial, por outro lado, formou menos grupos, o Grupo I contemplou 69,83% dos genótipos, assim como no método Tocher original (Tabela 7). O grupo II abrigou 10,34% dos genótipos, enquanto os demais grupos (III, IV, V, VI e VII) consistiram em 19,83% dos genótipos estudados (Tabela 7). No que diz respeito às produções médias dos caracteres forrageiros, o Grupo II, composto pelos genótipos 2, 20, 6, 1102, 16, 48, 35, 51, 1003, 8, 31 e 29, apresentou os valores mais elevados para ALT (21,69 cm) e MST (29,77 g) em comparação com os outros grupos formados (Tabela 7). O Grupo V composto pelos genótipos 38, 801, Q4188, 301, 13, 9, 109, 105, 26 apresentou os melhores desempenhos médios para DP (25,63 cm). Já o caractere NP, grupo VI, composto pelo genótipo 104, registrou média de 85 (Tabela 7).

Tabela 7. Composição de grupos formados pelos métodos de otimização original e sequencial de Tocher e média para quatro caracteres avaliados em genótipos de *P. notatum*, base na matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis (D_{ii}^2).

Tocher original		Média dos caracteres			
Grupos	Genótipos	ALT	DP	NP	MST
I	302, 404, 305, 60, PN14P3, 11, 43, 44, 1002, 304, 5, 32, 209, 7, 37, 307, 41, 802, 202, 18, 33, 112, 19, 1100, 50, 23, 701, 403, 108, 1, 22, 118, 53, 49, 103, 402, 101, 107, 4, 502, 55, 601, 602, 110, 3, 21, 111, 102, 203, 45, 401, 42, KF4KF6, 27, 46, KD9, 15, 34, 25, 40, KM2, 303, PEN, 28, 52, 54, 10, 47, 308, 205, 204, KD7, 39, 501, 57, 14, 30, 207, 405, 17, 114	17,36	20,07	52	17,75
II	2, 20, 6, 1102, 16, 48, 35, 51, 1003, 8, 31, 29	21,69	24,37	75	29,77
III	306, KF6, 24, 36, 12	20,87	21,54	54	18,26
IV	106, 1001, 1201, 201, 113, 56, 503	17,86	22,53	73	19,67
V	38, 801	19,59	27,05	92	33,43
VI	109, 301, 105	16,71	24,10	57	15,99
VII	13, 26, 9	21,78	26,27	68	30,39
VIII	206	12,15	15,03	38	12,75
IX	Q4188	14,47	25,40	76	21,62
X	104	19,01	20,49	85	23,12
Tocher sequencial		Média dos caracteres			
Grupos	Genótipos	ALT	DP	NP	MST
I	302, 404, 305, 60, PN14P3, 11, 43, 44, 1002, 304, 5, 32, 209, 7, 37, 307, 41, 802, 202, 18, 33, 112, 19, 1100, 50, 23, 701, 403, 108, 1, 22, 118, 53, 49, 103, 402, 101, 107, 4, 502, 55, 601, 602, 110, 3, 21, 111, 102, 203, 45, 401, 42, KF4KF6, 27, 46, KD9, 15, 34, 25, 40, KM2, 303, PEN, 28, 52, 54, 10, 47, 308, 205, 204, KD7, 39, 501, 57, 14, 30, 207, 405, 17, 114	17,36	20,07	52	17,75
II	2, 20, 6, 1102, 16, 48, 35, 51, 1003, 8, 31, 29	21,69	24,37	75	29,77
III	306, KF6, 24, 36, 12	20,87	21,54	54	18,26
IV	106, 1001, 1201, 201, 113, 56, 503	17,86	22,53	73	19,67
V	38, 801, Q4188, 301, 13, 9, 109, 105, 26	18,79	25,63	71	25,29
VI	104	19,01	20,49	85	23,12
VII	206	12,15	15,03	38	12,75

5. DISCUSSÃO

No estágio inicial de um programa de melhoramento genético, a eficiência da seleção individual pode ser comprometida em características com baixa herdabilidade. Essa falta de eficácia é frequentemente atribuída à ausência de repetições suficientes para cada indivíduo ou anos, como é o caso do presente trabalho (Tabela 2). Brasileiro et al. (2016) argumentam que o número de repetições, ou seja, a capacidade de mensurar várias vezes o mesmo caractere de um indivíduo em particular, é crucial para uma avaliação precisa do seu valor genético. Em contextos nos quais os caracteres são pouco influenciadas pela genética e mais pelo ambiente, a seleção individual pode ser insuficiente para distinguir entre os efeitos genéticos e ambientais (Tabela 2). Assim, métodos de seleção que envolvem a avaliação de descendentes ao longo de várias mensurações podem se mostrar mais eficazes para identificar e promover caracteres desejáveis em populações. No entanto, esses resultados contradizem os obtidos por Weiler et al. (2023) em híbridos simples de *P. notatum*, onde os autores obtiveram para caracteres como altura de plantas e produção de matéria seca, herdabilidades no sentido amplo de 0,95 e 0.81, respectivamente. Somente o número de perfilhos apresentou herdabilidades próximas as relatadas pelos autores. Nesse mesmo estudo, os autores ressaltam que para uma confiabilidade mínima de 80% objetivando verificar a superioridade relativa dos híbridos simples de *P. notatum* em todas as características avaliadas. As cinco colheitas mostraram-se adequadas para selecionar os genótipos visando avançar para a próxima fase do programa de melhoramento. Os autores ressaltam ainda que, para uma seleção precoce confiável para matéria seca de folhas, relação folha:colmo e matéria seca total pode ser de no mínimo de duas colheitas. Com base nesses resultados, o número de colheitas realizados nesse estudo seria satisfatório para manter o nível mínimo preconizado de certeza de 80%). Por isso, esperava-se que os valores de variância genética e por consequência de herdabilidade, fossem de mesma magnitude (Tabela 2). Nessa mesma população, porém em outro trabalho, a altura de plantas apresentou herdabilidade no sentido amplo elevada ($h^2=0,80$) (Silveira et al., 2023). Em família de meios-irmãos de *P. notatum*, magnitudes de 0,80 para altura de plantas foram relatadas (Marcón et al., 2021). Já em outra população de *P. notatum* a herdabilidade para esse caractere (ALT) e os demais estudados foram superiores a 95% (Silveira et al., 2022). Esses dados corroboram com os observados neste estudo; apesar da herdabilidade no sentido amplo ser menor, o

caractere alturas de plantas demonstra-se confiável para seleção indireta visando o incremento da produção de forragem (Tabela 2). Segundo Brasileiro et al. (2016), a seleção familiar seguida pela seleção individual de clones é mais eficiente em termos de ganho genético do que a aplicação isolada de cada estratégia. Esse autor ressalta ainda que a abordagem combina os benefícios da avaliação abrangente das famílias com a identificação dos melhores clones, resultando em um ganho genético mais substancial. A seleção familiar é especialmente benéfica para caracteres com baixa herdabilidade, pois as famílias podem ser avaliadas em parcelas replicadas ao longo de diferentes períodos e locais, permitindo uma melhoria nas estimativas das médias familiares, ao contrário dos clones (Kimbeng & Cox, 2003). Nesse sentido, o método de Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP) possibilita a combinação de dados de diversos *designs* de cruzamento, informações parentais, familiares e individuais em um único valor genético para cada caractere e genótipo (Kimbeng & Cox, 2003; Barbosa et al., 2004). Por último, o coeficiente de variação relativo pode ser classificado da seguinte forma: valores entre 0 e 0,25 são considerados baixos, de 0,25 a 0,5 são classificados como intermediários, de 0,5 a 0,75 como altos e valores acima de 0,75 são considerados muito altos (Resende, 2002). Nesse caso, todos os caracteres estudados apresentam coeficientes de variação relativos (CV_r) classificados como altos, mesmo que não ultrapassem a unidade (Tabela 2), isso sugere que o processo de seleção pode ser satisfatório. Essa interpretação indica que há uma variabilidade significativa entre os indivíduos em relação aos caracteres estudados, o que pode permitir a seleção de características desejáveis. No entanto, é importante considerar outros fatores além do CV_r ao avaliar a eficácia do processo de seleção, como a herdabilidade das características e os objetivos específicos do programa de melhoramento genético.

Com base nas correlações genéticas obtidas via metodologia de Falconer e Mackay (1996), as quais todas apresentaram uma forte magnitude e foram positivas (Figura 2), conforme classificação proposta por Silveira et al. (2021), isso sugere implicações significativas para o processo de seleção. Correlações genéticas positivas indicam que as características estudadas têm uma tendência a serem transmitidas juntas, o que significa que a seleção para uma característica pode resultar em melhorias nos outros caracteres correlacionados de forma positiva. Essa mesma tendência foi observada por Machado et al. (2021), onde todos os caracteres estudados apresentaram correlações positivas, porém, com variações de 0,27 para

produção de matéria seca de inflorescência e altura de plantas a 0,96 para produção de matéria seca total e produção de matéria seca de folhas. Em outra população, associações positivas e de moderada a alta magnitude foram observadas para os mesmos caracteres estudados (Silveira et al., 2023). Isso oferece oportunidades valiosas para o melhoramento simultâneo de vários caracteres desejáveis durante o processo de seleção. No entanto, é importante considerar a relevância prática das características em relação aos objetivos do programa de melhoramento genético e a viabilidade de seleção simultânea para todas as características correlacionadas (Silveira et al., 2023).

Em relação aos BLUP univariados, a identificação dos melhores progenitores para futuros cruzamentos é crucial para o sucesso de um programa de melhoramento (Marostega et al., 2021). Para seleção de novos genótipos, a Melhor Predição Linear Imparcial (BLUP) é um método conhecido por reduzir os estimadores em direção à média, reduzindo sua variância e aumentando sua precisão preditiva (Robinson, 1991). Como critério, foram selecionados no mínimo 20% dos genótipos mais produtivos em relação à média do caractere forrageiro estudado (Tabela 3, 4, 5 e 6). De acordo com os critérios estabelecidos, para altura de plantas (ALT), resultou na seleção de 11 genótipos representando 9,48% do total. Os genótipos selecionados (6, 26, 2, 48, 20, 31, 106, 36, 16, 57 e 28) são recomendados para as próximas etapas do programa de melhoramento genético. Já para o diâmetro da planta (DP), foram selecionados 15 genótipos, correspondendo a 12,93% do total de genótipos estudados, sendo os genótipos 38, 26, 31, 51, 1003, 105, 801, 30, 1001, 13, 106, 9, 8, Q4188 e 57 selecionados e que são indicados para aumentar o diâmetro da planta. No caso do número de perfilhos (NP), 29 genótipos foram selecionados, representando 25% do total de genótipos estudados, sendo os genótipos 38, 1001, 106, 801, 51, 104, 20, 6, 2, 1003, 113, 30, 1102, Q4188, 31, 46, 16, 8, 26, 45, 1201, 13, 57, 3, 21, 55, 107, 4 e 601 selecionados e recomendados para avançar no programa com objetivo aumentar o número de perfilhos. Por fim, para a massa seca total (MST), foram selecionados 28 genótipos, correspondendo a 24,13% do total. Os genótipos selecionados (38, 1003, 26, 6, 13, 16, 31, 2, 801, 51, 20, 35, 8, 1102, 30, 601, 106, 45, 1001, 48, 46, 9, 4, 14, 55, 3, 57 e 29) são recomendados para avançar no programa de seleção univariada, visando aumentar a massa seca total. Esses resultados destacam os genótipos mais promissores para avançar nas etapas subsequentes do programa de melhoramento

genético, contribuindo para o melhoramento dos caracteres em questão em híbridos simples de *P. notatum*.

Dentre os 28 genótipos selecionados para o caractere massa seca total (MST), observa-se que 22 deles são oriundos do cruzamento KF 4 x KF 6 (38, 26, 6, 13, 16, 31, 2, 51, 20, 35, 8, 30, 45, 48, 46, 9, 4, 14, 55, 3, 57 e 29). Dentre os mais produtivos o genitor feminino KF4 também gerou o genótipo 1102 (KF4 x 17PN1) enquanto o genitor masculino KF 6 gerou em outro cruzamento o genótipo 106 (KF 9 x KF 6). Portanto, o progenitor masculino KF6 foi capaz de gerar 23 entre os 28 híbridos mais produtivos para o caractere massa seca total (MST). O progenitor feminino KF 4 também foi capaz de gerar 23 dos melhores 28 genótipos avaliados, sendo 22 deles em cruzamento direto com KF6. Além de produzir genótipos de destaque para o caractere massa seca total (MST), este cruzamento foi o que mais produziu sementes viáveis contribuindo para o maior número de híbridos nesta família. O genitor masculino KF6 foi inserido como testemunha no experimento. Na avaliação para o caractere massa seca total (MST) foi ranqueado como o 93º mais produtivo entre os 116 genótipos avaliados. Seu desempenho individual está entre os piores genótipos avaliados, porém os híbridos gerados a partir do seu cruzamento obtiveram excelentes resultados, evidenciando grande capacidade de imprimir vigor híbrido a sua progênie e candidatando este genótipo a seguir com destaque no programa de melhoramento.

Outro ponto de observação é o desempenho dos genótipos em relação ao cultivar Pensacola, incluída como controle do experimento e com reconhecida produtividade na características avaliadas. No ranqueamento, a cultivar “PEN” obteve as respectivas colocações: 112ª para altura de planta (ALT), 106ª diâmetro de planta (DP), 96ª número de perfilhos (NP) e 100ª para massa seca total (MST). A maior parte dos genótipos avaliados se mostrou superior à variedade Pensacola nos quatro caracteres avaliados.

A discrepância entre os métodos de agrupamento de Tocher original (Rao, 1952) e modificado (Vasconcelos et al., 2007), bem como sua congruência com os resultados de Steiner et al. (2022), revela variações algorítmicas e conceituais em cada abordagem. Enquanto o método original de Tocher segue a formulação inicial proposta, sua versão modificada introduz ajustes que impactam a formação dos grupos, como critérios de avaliação e técnicas de otimização. Essas diferenças ressaltam a complexidade do processo de agrupamento e a importância de considerar diversas perspectivas metodológicas na interpretação dos resultados (Silveira et al., 2022; 2023).

Comparando os métodos original e sequencial de Tocher, observamos que o primeiro gerou dez grupos, enquanto o segundo produziu apenas sete. Ambos concentraram uma proporção significativa de ecótipos no Grupo I, evidenciando padrões consistentes na distribuição dos dados. Entretanto, o Grupo II em ambos os métodos exibiu os valores mais altos para os caracteres forrageiros, como altura (ALT) e massa seca total (MST), enquanto o Grupo V se destacou em densidade populacional (NP) e diâmetro de planta (DP). Essa análise ilustra como pequenas variações nos métodos de agrupamento podem influenciar a formação e interpretação dos grupos, mas também ressalta padrões consistentes nos dados estudados.

Com base nos resultados apresentados, pode-se concluir que houve um efeito genético significativo em todos os caracteres forrageiros estudados em híbridos de *P. notatum*. No entanto, a variância ambiental foi maior que a genética para todos os caracteres, indicando uma influência significativa do ambiente sobre os mesmos. A maior contribuição genética foi observada para o caractere altura de plantas (ALT). As herdabilidades individuais no sentido amplo (h_g^2) foram relativamente baixas para todos os caracteres, variando de 0,19 a 0,28, destacando a influência significativa do ambiente na expressão desses caracteres. As associações entre os caracteres variaram, sendo predominantemente positivas, indicando que as práticas de melhoramento adotadas para aumentar um determinado caráter tendem a beneficiar também os demais caracteres no mesmo sentido. Os genótipos foram selecionados com base no critério de ganho de seleção (GS) de no mínimo 20% em relação à média do caractere. Um total de 11 genótipos foram selecionados para o aumento da altura das plantas, 15 para o diâmetro de planta, 29 para o número de perfilhos e 28 para a massa seca total. Esses resultados fornecem *insights* valiosos para programas de melhoramento genético, indicando os genótipos mais promissores para cada característica estudada. Os genótipos selecionados representam potenciais candidatos para as próximas fases do programa visando o aumento desses caracteres em híbridos de *P. notatum*.

6. CONCLUSÃO

Há variabilidade genética nos híbridos simples de *P. notatum* para os caracteres forrageiros estudados.

A variância ambiental foi superior a variância genética, logo, a herdabilidade no sentido amplo foi de baixa magnitude para todos os caracteres, dificultando o processo de seleção.

O caractere altura de plantas apresentou maior magnitude em relação a esses parâmetros, indicando que a seleção através desse caractere deve ser de maior confiabilidade em relação aos demais.

As correlações significativas e positivas de magnitude moderadas a alta, indicam que o processo de seleção deve ser eficiente para o aumento do rendimento de forragem através de qualquer caractere.

O agrupamento pelo método de otimização de Tocher original e sequencial demonstraram a presença de variabilidade genética nos híbridos simples estudados.

7. REFERÊNCIAS

ACUÑA, C. A. *et al.* Bahiagrass tetraploid germplasm: reproductive and agronomic characterization of segregating progeny. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 2, p. 581-588, 2009.

AKINWALE, M. G. *et al.* Heritability and correlation coefficient analysis for yield and its components in rice (*Oryza sativa* L.). **African Journal of Plant Science**, Pretoria, v. 5, p. 207-212, 2011.

ALISCIONI, S. S. Contribución a la filogenia del género *Paspalum* (POACEAE: PANICOIDEAE: PANICEAE). **Annals of the Missouri Botanical Garden**, St Louis, v.89, n.4, p. 504-523, 2002.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Wiley, 1960. 485 p.

ANDRADE, B. O. *et al.* Classification of south brazilian grasslands: implications for conservation. **Applied Vegetation Science**, Bethesda, v. 22, n. 1, p. 168-184, 2019.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES – ABIEC. **Beef report 2020**: perfil da pecuária no Brasil. São Paulo: ABIEC, 2020. Disponível em: <https://www.abiec.com.br/catpub/impresso>. Acesso em: 23 dez. 2023.

BARBOSA, M. H. P. *et al.* Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 4, p. 218-226, 2004

BARRETO, I. L. **O gênero *Paspalum* (Gramineae) no Rio Grande do Sul**. 1974. 258 f. Tese (Livre Docência) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1974.

BATISTA, L. A. R.; GODOY, R. Caracterização preliminar e seleção de germoplasma do gênero *Paspalum* para produção de forragem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 1, p. 23-32, 2000.

BATISTA, L. A. R.; GODOY, R. Capacidade de Produção de Sementes em Acessos do Gênero *Paspalum*. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 27, n. 5, p. 841-847, 1998.

BATISTA, L. A. R.; MEIRELLES, P. R. L.; GODOY, R. Produção e qualidade da forragem em acessos selecionados de *Paspalum* na região central do estado de São Paulo. *In*: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. p. 35-39.

BERGAMASCHI, H. *et al.* Boletins agrometeorológicos da Estação Experimental Agrônômica da UFRGS: série histórica 1970-2012. **Boletim Agrometeorológico: Estação Experimental Agrônômica/UFRGS: Eldorado do Sul**. Porto Alegre, 2013. 1 CD-ROM.

BERNARDO, R. Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 5, p. 1649-1664, 2008.

BERRETTA, E. Ecophysiology and management response of the subtropical grasslands of Southern America. *In*: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 19., 2001, São Pedro-SP. **Proceedings [...]**. Piracicaba: FEALQ, 2001. p. 939–946.

BOLDRINI, I. I. Biodiversidade dos Campos Sulinos. *In*: SIMPÓSIO DE FORRAGEIRAS E PRODUÇÃO ANIMAL. ÊNFASE: IMPORTÂNCIA E POTENCIAL PRODUTIVO DA PASTAGEM NATIVA, 2006, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: [s.n.], 2006. p. 11-24.

BOLDRINI, I. I. Campos sulinos: caracterização e biodiversidade. *In*: ARAÚJO, E. A.; SAMPAIO, E. V. S. B. *et al.* (ed.). **Biodiversidade, conservação e uso sustentável da flora do Brasil**. Recife: UFPe, 2002. p. 95-97.

BRAMMER, S. P. **Variabilidade e diversidade genética vegetal**: requisito fundamental em um programa de melhoramento. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2002. 9 f. (Embrapa Trigo. Documentos Online, 29). Disponível em: http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_do29.htm. Acesso em 12 fev. 2024.

BRAMMER, S. P. **Variabilidade isoenzimática em populações naturais de *Hordeum stenostachys* (Poaceae)**. 1993. 264 f. Dissertação (Mestrado - Genética) - Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1993.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para análise de sementes**. Brasília, DF: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária, 2009.

BRASILEIRO, B. P. *et al.* Simulated individual best linear unbiased prediction versus mass selection in sugarcane families. **Crop Science**, Madison, v. 56, n. 2, p. 570-575, 2016.

BRUGNOLI, E. A. *et al.* Diversity in diploid, tetraploid, and mixed diploid–tetraploid populations of *Paspalum simplex*. **Crop Science**, Madison, v. 53, p. 1509-1516, 2013.

BRUGNOLI, E. A. *et al.* Diversity in apomitic populations of *Paspalum simplex* Morong. **Crop Science**, Madison, v. 54, p. 1656-1664, 2014.

BURSON, B. L. Apomixis and sexuality in some *Paspalum* species. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 1, p. 1347-1351, 1997.

BURTON, G. W. Artificial fog facilitates *Paspalum* emasculation. **Journal American Society of Agronomy**, Madison, v. 40, p. 281–282, 1948.

CANTO-DOROW, T. S.; LONGUI-WAGNER, H. M.; VALLS, J. F. M. Revisão taxonômica das espécies de *Paspalum* L. grupo Notata (Poaceae – Paniceae) do Rio Grande do Sul, Brasil. **Iheringia. Série Botânica**, Porto Alegre, v. 47, n. 1, p. 4-44, 1996.

CARNEIRO, V. T. C. *et al.* Apomixis: occurrence, applications and improvements. In: SILVA J. A. T. (ed.). **Floriculture, ornamental and plant biotechnology: advances and topical issues**. Isleworth, UK: Global Science Books, 2006. v. 1, p. 564-571.

CHASE, A. **The North American species of *Paspalum***. Washington, DC: Smithsonian Institution/United States National Museum, 1929. v. 28, pt. 1. (Contribution from the United States National Herbarium).

CIDADE, F. W. **Análise da variabilidade genética de *Paspalum notatum* Flüge (Paniceae, Panicoideae) com o uso de marcadores moleculares, morfológicos e citometria de fluxo**. 2006. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Botânica, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2006. Disponível em: <http://www.bibliotecadigital.ufrgs.br/da.php?nrb=000554181&loc=2007&l=5201c11e39491687>. Acesso em: 16 fev. 2024.

COMISSÃO DE QUÍMICA E FERTILIDADE DO SOLO. **Manual de calagem e adubação para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina**. [S. l.]: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - Núcleo Regional Sul. Comissão de Química e Fertilidade do Solo - RS/SC, 2016. 376 p.

CRUZ, C. D. Genes software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2004. 480 p.

DALL'AGNOL, M.; GOMES, K. E. Avaliação inicial da produção de matéria seca de espécies do gênero *Paspalum*. In: ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO GENÉTICO DE PASPALUM, 1987, Nova Odessa. **Anais [...]** Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1987. p. 51-55.

DEMPSTER, A. P.; LAIRD, N. M.; RUBIN, D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistical Society: series B, Statistical Methodology**, Oxford, v. 39, n. 1, p. 1-22, 1977.

DENHAM, S. S. Revisión sistemática del subgénero *Harpostachys* de *Paspalum* (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). **Annals of the Missouri Botanical Garden**, Saint Louis, v. 92, p. 463-532, 2005.

EUCLIDES, V. P. B. *et al.* Brazilian scientific progress in pasture research during the first decade of XXI century. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 39, p. 151-168, 2010.

FACHINETTO, J. M. **Caracterização agrônômica, molecular, morfológica e determinação do nível de ploidia em uma coleção de acessos de *Paspalum notatum* Flüggé**. 2010. 142 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2010.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FEITOSA, O. D. S. *et al.* Forage performance and cattle production as a function of the seasonality of a Brazilian tropical region. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, Maringá, v. 44, [art.] e53779, 2022.

GHELLAR JUNIOR, I. *et al.* Forage yield of tetraploid bahiagrass hybrids. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v. 28, n. 1, p. 94-110, 2022.

GHOSH, C. S. Genetic parameters of agro-morpho-physiological traits in rice (*Oryza sativa* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, Tamil Nadu, v. 3, p. 711-714, 2012.

HANNA, W. W. Use of apomixis in cultivar development. **Advances in Agronomy**, Madison, v. 54, p. 333-350, 1995.

HANNA, W.; BASHAW, E. C. Apomixis: its identification and use in plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 27, n. 6, p. 1136-1139, 1987.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Cidades**. Rio de Janeiro: IBGE, 2017. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/rs/pesquisa/24/76693?localidade1=0>. Acesso em 28 ago. 2023.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Censo Agropecuário 2017: resultados definitivos**. Rio de Janeiro: IBGE, 2019.

JANK, L. *et al.* The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Collingwood, v. 65, n. 11, p. 1132-1137, 2014.

JANK, L.; VALLE, C. B.; RESENDE, R. M. S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 11, n. 1, p. 27-34, 2011.

KALMBACHER, R. S. *et al.* Suerte Atra *Paspalum*: its management and utilization. Gainesville: University of Florida, 1997. 15 p. (Florida Agricultural Experiment Station, Circular S-397).

KAMINSKI, J. *et al.* Resposta de biótipos da grama forquilha à calagem e à frequência de corte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 28, n. 4, p. 581-586, 1998.

KARIA, C. T.; DUARTE, J. B.; ARAÚJO, A. C. G. **Desenvolvimento de cultivares do gênero brachiaria (trin.) Griseb. no Brasil**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2006. 58 p. (Documentos, 163).

KIMBENG, C. A.; COX, M. C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal American Society of Sugarcane Technologists**, Thibodaux, v. 23, p. 20-39, 2003.

KOLTUNOW, A. M.; GROSSNIKLAUS, U. Apomixis: a developmental perspective. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 54, p. 547-574, 2003.

KRYCKI, C. K. *et al.* Reproductive analyses of intraspecific *Paspalum notatum* Flüggé hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 20, n. 1, [art.] e291620114, [p. 1-7], 2020.

LIU, W. *et al.* A comprehensive meta-analysis of the impacts of intensified drought and elevated CO₂ on forage growth. **Journal of Environmental Management**, London, v. 327, [art.] 116885, 2023.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Oxford University Press: London, UK, 1998. v. 1.

MAPBIOMAS. **Mapeamento anual de cobertura e uso da terra do Brasil**. [S. l.]: MapBiomias, ©2024. (Coleção 6). Disponível em: <https://brasil.mapbiomas.org/map/colecao-6/>. Acesso em 12 fev. 2024.

MARASCHIN, G. E. A planta forrageira no sistema de produção: gramas batatais, forquilha e bahiagrass. *In*: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 17., 2000, Piracicaba. **Anais** [...]. Piracicaba: FEALQ, 2000. p. 217-263.

MARCÓN, F. *et al.* Evaluating general combining ability for agro-morphological traits in tetraploid bahiagrass. **Euphytica**, Dordrecht, v. 217, n. 12, [art.] 208, 2021.

MAROSTEGA, T. N. *et al.* Different strategies for estimating genetic parameters for collar rot resistance characteristics in *Passiflora* spp. **Chilean Journal of Agricultural Research**, Chillán, v. 81, n. 3, p. 281-290, 2021.

MELCHINGER, A. E. Genetic diversity and heterosis. *In*: COORS, J. G.; PANDEY, S. (ed.). **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: ASA, CSSA, SSSA, 1999. p. 99–118.

MISLEVY, P.; MOTT, G. O.; MARTIN, F. G. Screening perennial forages by mob-grazing technique. *In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS*, 14., 1981, Lexington. **Proceedings...** Lexington: CRC, 1981. p. 516-519.

MOHRDIECK, K. H. Formações campestres do Rio Grande do Sul. *In: CAMPOS nativos: melhoramento e manejo IV*. Porto Alegre: Federacite, 1993. p. 11-23.

MORENO, J. A. Clima do Rio Grande do Sul. **Boletim Geográfico do Rio Grande do Sul**, Porto Alegre, v. 11, p. 49–83, 1961.

MOTTA, E. A. M. **Avaliação de caracteres agronômicos em híbridos interespecíficos do gênero *Paspalum***. 2014. 91 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2014.

MURRAY, R. B. Yields, nutrient quality, and palatability to sheep of fourteen grass accessions for potential use on sagebrush-grass range in southeastern Idaho. **Journal of Range Management**, Denver, v. 37, p. 343-348, 1984.

O'REAGAN, P. C. Plant structure and the acceptability of different grasses to sheep. **Journal of Range Management**, Denver, v. 46, n. 3, p. 232-236, 1993.

OBEID, J. A.; PEREIRA, D. H. Gênero *Paspalum*. *In: FONSECA, D. M.; MARTUSCELLO, J. A. Plantas forrageiras*. Viçosa, MG: UFV, 2010. p. 150-154.

ORTIZ, J. P. A. *et al.* Harnessing apomictic reproduction in grasses: what we have learned from *Paspalum*. **Annals of Botany**, Oxford, v. 112, n. 5, p. 767-787, 2013.

ORTIZ, J. P. A.; PESSINO, S. C.; QUARÍN, C. L. Manipulación de la apomixis y su aplicación en la agricultura. *In: ECHENIQUE, V.; RUBINSTEIN, C.; MROGINSKI, L. (ed.). Biotecnología y mejoramiento vegetal*. Buenos Aires: INTA, 2004. p. 446-448.

OST, H. J. **Componentes do rendimento e qualidade de sementes de *Paspalum guenoarum* Arech. ecótipo "Azulão" submetido a diferentes regimes de cortes**. 2013. 74 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2013.

PARSONS, A. J. *et al.* Past lessons and future prospects: plant breeding for yield and persistence in cool-temperate pastures. **Grass and Forage Science**, Oxford, v. 66, n. 2, p. 153-172, 2011.

PATHAK, R. K.; BHAT, K. V. Analysis of genetic diversity, population structure, and linkage disequilibrium in Indian aromatic and quality rice (*Oryza sativa* L.) germplasm. **Euphytica**, Dordrecht, v. 160, n. 3, p. 367-384, 2007.

PINTO, J. C. **Nitrogênio e métodos de semeadura no rendimento de sementes de *Paspalum guenoarum* Arech.** 1982. 140 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Fitotecnia) - Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1982.

POZZOBON, M. T. *et al.* Cytogenetic analyses in *Paspalum* L. reveal new diploid species and accessions. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 5, p. 1292-1299, 2008.

POZZOBON, M. T.; VALLS, J. F. M. Chromosome number in germplasm accessions of *Paspalum notatum* (Gramineae). **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 20, n. 1, p. 29-34, 1997.

PRATES, E. R. Efeito do nitrogênio e de intervalos entre cortes sobre a produção e composição de dois ecótipos de *Paspalum notatum* Flügge e da cultivar pensacola *Paspalum notatum* Flügge var. sauræ Parodi. **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas “Francisco Osório”**, Porto Alegre, v. 4, p. 267-307, 1977.

PRESTES, P. J. Q.; FREIRAS, E. A. G.; BARRETO, I. L. Hábito vegetativo e variação estacional do valor nutritivo das principais gramíneas da pastagem nativa do Rio Grande do Sul. **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas “Francisco Osório”**, Porto Alegre, v. 3, p. 516-531, 1976.

QUADROS, D. G. *et al.* Componentes da produção de sementes de duas cultivares de *Brachiaria brizantha* (Hochst. ex A. Rich.) Stapf nos cerrados da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**, Areia, PB, v. 12, p. 19-22, 2010.

QUARÍN, C. L. *et al.* Registration of Q4188 and Q4205, sexual tetraploid germplasm lines of bahiagrass. (Registrations of Germplasms). **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 2, p. 745-747, 2003.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952.

RAO, C. R. **Linear statistical inference and its applications**. 2nd ed. New York: John Wiley, 1973.

REIS, E. F. **Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine Max* (L.) Merrill)**. 2000. 120 f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2000.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 16, p. 330-339, 2016.

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

ROBINSON, G. K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, Hayward, v. 6, n. 1, p. 15-32, 1991.

ROCHA, M. M. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, Santa Maria, v. 8, n. 1, p. 135-141, 2003.

ROSA, J. L. **Nitrogênio e métodos de semeadura no rendimento de sementes de *Paspalum guenoarum* Arech, no segundo ano da cultura.** 1984. 173 f. Dissertação (Mestrado Agronomia – Fitotecnia) - Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1984.

SANTOS, H. G. *et al.* **Sistema brasileiro de classificação de solos.** 5. ed. Embrapa: Brasília, DF: Embrapa, 2018. 356 p.

SARTOR, M. E. *et al.* Ploidy levels and reproductive behaviour in natural populations of five *Paspalum* species. **Plant Systematics Evolution**, Wien, v. 293, p. 31-41, 2011.

SARTOR, M. E.; QUARIN, C.L.; ESPINOZA, F. Mode of reproduction of colchicine-induced *Paspalum plicatulum* tetraploids. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1270-1276, 2009.

SAWASATO, J. T. **Caracterização agrônômica e molecular de *Paspalum urvillei* Steudel.** 2007. 109 f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2007.

SILVEIRA, D. C. *et al.* Anatomical traits and structural components of peduncle associated with lodging in *Avena sativa* L. **Agronomy Research**, Madison, v. 19, p. 250-264, 2021.

SILVEIRA, D. C. *et al.* Genetic parameters, prediction of gains and intraspecific hybrid selection of *Paspalum notatum* Flüge for forage using REML/BLUP. **Agronomy**, Basel, v. 12, n. 7, [art.] 1654, 2022.

SILVEIRA, D. C. *et al.* REML/BLUP methodology for selection intraspecific hybrids of *Paspalum notatum* Flüge by multivariate analysis. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, Rio de Janeiro, v. 95, [art.] e20230137, 2023.

SOUZA, F. H. D. *et al.* Characterization of the potential of native grasses for use as lawns. **Ornamental Horticulture**, Campinas, v. 26, n. 1, p. 109-120, 2020.

SPILLANE, C.; CURTIS, M. D.; GROSSNIKLAUS, U. Apomixis technology development-virgin births in farmers' fields? **Nature Biotechnology**, New York, v. 22, p. 687-691, 2004.

STEINER, M. G. **Caracterização agrônômica, molecular e morfológica de acessos de *Paspalum notatum* e *Paspalum guenoarum* Arech.** 2005. 120 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2005.

STEINER, M. G. *et al.* Forage potential of native ecotypes of *Paspalum notatum* and *P. guenoarum*. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, Rio de Janeiro, v. 89, p. 1753-1760, 2017.

STEINER, M. G. *et al.* Characterization and genetic diversity in *Paspalum notatum* Flügge accessions: morphological and geographical distance. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 51, [art.] e20220015, 2022.

STRAPASSON, E.; VENCOVSKY, R.; BATISTA, L. A. R. Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* sp. por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.29, n. 2, p. 373-381, 2000.

TOWNSEND, C. R. **Características produtivas de gramíneas nativas do gênero *Paspalum*, em resposta à disponibilidade de nitrogênio**. 2008. 254 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2008.

VALLE, C. B.; SAVIDAN, Y. H. Genetics, cytogenetics, and reproductive biology of *Brachiaria*. In: MILES, J. W. MAAS, B.; VALLE, C. B. (ed.). **Brachiaria: biology, agronomy, and improvement**. Cali: CIAT, 1996. cap. 10, p. 147-163.

VALLS, J. F. M. Recursos genéticos de espécies de *Paspalum* no Brasil. In: ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO GENÉTICO DE PASPALUM, 1987, Nova Odessa. **Anais...** Nova Odessa: IZ, 1987. p. 3-13.

VALLS, J. F. M. *et al.* Patrimônio florístico dos campos: potencialidades de uso e a conservação de seus recursos genéticos. In: PILLAR, Valério de Patta *et al.* (ed.). **Campos Sulinos: conservação e uso sustentável da biodiversidade**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente, 2009. p. 139-154.

VASCONCELOS, E. S. *et al.* Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, p. 1421-1428, 2007.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 137-214.

WEILER, R. L. *et al.* Determination of mode of reproduction of Bahiagrass hybrids using cytoembryological analysis and molecular markers. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 46, n. 3, p. 185-191, 2017.

WEILER, R. L. *et al.* Intraespecific tetraploid hybrids of *Paspalum notatum*: agronomic evaluation of segregation progeny. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 75, n. 1, p. 36-42, 2018.

WEILER, R. L. *et al.* Repeatability and genotypic stability in intraspecific hybrids of *Paspalum notatum* Flügge. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 52, [art.] e20230038, 2023.

WELKER, C. A. D.; LONGHI-WAGNER, H. M. A família Poaceae no Morro Santana, Rio Grande do Sul, Brasil. **Revista de Biociência**, Porto Alegre, v. 5, n. 4, p. 53-92, 2007.