

Melhoramento de *Brachiaria ruzizensis* Germain & Evrard (sin. *Urochloa ruzizensis*) autotetraploide: resultados da avaliação genética de subpopulações, progênes e indivíduos



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Gado de Corte
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 37

**Melhoramento de *Brachiaria
ruzizensis* Germain & Evrard (sin.
Urochloa ruzizensis) autotetraploide:
resultados da avaliação genética
de subpopulações, progênies e
indivíduos**

*Rosângela Maria Simeão
Cacilda Borges do Valle
Marcos Deon Vilela de Resende
Sérgio Raposo Medeiros
Adriane Schio Silva
Celina de Medeiros Ragalzi
Liana Jank
Sanzio Carvalho Lima Barrios
Mateus Figueiredo Santos*

Embrapa
Brasília, DF
2016

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Gado de Corte

Rodovia BR 262, Km 4, CEP 79002-970 Campo Grande, MS

Caixa Postal 154

Fone: (67) 3368 2090

Fax: (67) 3368 2150

<http://www.embrapa.br/gado-de-corte>

<https://www.embrapa.br/fale-conosco/sac>

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: *Ronney Robson Mamede*

Secretário-Executivo: *Rodrigo Carvalho Alva*

Membros: *Alexandre Romeiro de Araújo, Andréa Alves do Egito, Kadijah Suleiman Jaghub, Liana Jank, Lucimara Chiari, Marcelo Castro Pereira, Mariane de Mendonça Vilela, Rodney de Arruda Mauro, Wilson Werner Koller*

Supervisão editorial: *Rodrigo Carvalho Alva*

Revisão de texto e Editoração Eletrônica: *Rodrigo Carvalho Alva*

Foto da capa: *Rosângela Maria Simeão Resende*

1ª edição

Versão online (2016)

Todos os direitos reservados.

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Gado de Corte.**

Melhoramento de *Brachiaria ruziziensis* Germain & Evrard (sin. *Urochloa ruziziensis*) autotetraploide: resultados da avaliação genética de subpopulações, progênies e indivíduos [recurso eletrônico] / Rosângela Maria Simeão... [et al]. – Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2016.
30 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Gado de Corte, ISSN1983-974X ; 37).

Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader.

Modo de acesso: <<http://www.cnpqg.embrapa.br/publicacoes/bp/BP37.pdf>>

Título da página da Web (acesso em 12 de dezembro de 2016).

Outros autores: *Cacilda Borges do Valle; Marcos Deon Vilela de Resende; Sérgio Raposo Medeiros; Adriane Schio Silva; Celina de Medeiros Ragalzi; Liana Jank; Sanzio Carvalho Lima Barrios; Mateus Figueiredo Santos.*

1. *Brachiaria*. 2. Gramínea forrageira. 3. Gramínea tropical. 4. Modelos mistos. 5. Parâmetros genéticos. I. Série. II. Embrapa Gado de Corte.

CDD 633.2

© Embrapa Gado de Corte 2016

Sumário

Resumo	5
Abstract.....	7
Introdução.....	9
Materiais e Métodos	11
Avaliação fenotípica	11
Métodos estatísticos de análise dos dados	13
Resultados e Discussão.....	14
Considerações finais	19
Referências	21

Melhoramento de *Brachiaria ruziziensis* Germain & Evrard (sin. *Urochloa ruziziensis*) autotetraploide: resultados da avaliação genética de subpopulações, progênes e indivíduos

Rosângela Maria Simeão¹; Cacilda Borges do Valle¹; Marcos Deon Vilela de Resende²; Sérgio Raposo Medeiros¹; Adriane Schio Silva³; Celina de Medeiros Ragalzi⁴; Liana Jank¹; Sanzio Carvalho Lima Barrios¹; Mateus Figueiredo Santos¹

Resumo

A gramínea forrageira *Brachiaria ruziziensis* autotetraploide é um componente importante dos programas de melhoramento de *Brachiaria*. O foco do melhoramento dessa espécie é o aumento do rendimento de biomassa e dos seus atributos associados à qualidade forrageira, com a finalidade de hibridizar com espécies apomíticas. As avaliações do rendimento de sementes são também essenciais na seleção de indivíduos viáveis reprodutivamente e na multiplicação de cultivares híbridas para que atendam as demandas do mercado de sementes. As informações sobre a associação entre os componentes relacionados ao florescimento e à produção de sementes, além do modo de herança desses caracteres, ainda são escassas na literatura científica, para essa e outras espécies de gramíneas forrageiras. Cinquenta e nove progênes de meios-irmãos de sete subpopulações foram avaliadas experimentalmente para 21 caracteres relacionados à produção de biomassa, qualidade nutricional, fenologia do florescimento e produção de sementes. Os caracteres foram analisados pela metodologia de modelos mistos.

¹ Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS

² Pesquisador da Embrapa Florestas, Colombo, PR

³ Professora do Colégio Militar de Campo Grande, Campo Grande, MS

⁴ Bolsista PIBIC-CNPq/Embrapa, Campo Grande, MS

Com base na magnitude da herdabilidade, todos os caracteres exibiram maior variação genética dentro do que entre subpopulações. Os caracteres índice de sincronia de florescimento, número de panículas, peso de sementes cheias, *seed-set* e todos aqueles associados à produção de biomassa, exceto rebrota na estação seca, apresentaram variação genética aditiva entre e dentro de populações estatisticamente significativas. A baixa magnitude do parâmetro comunalidade entre a produção de sementes cheias e a produção de biomassa é vantajosa para a seleção e ganho genético em ambos caracteres. O conhecimento dos parâmetros genéticos entre e dentro de subpopulações e o seu uso no programa de melhoramento são discutidos no trabalho.

Palavras-chave: *Brachiaria*, gramínea forrageira, gramínea tropical, modelos mistos, parâmetros genéticos, produção forrageira, teste de progênies.

Autotetraploid Brachiaria ruziziensis Germain & Evrard (syn. Urochloa ruziziensis) breeding: results on subpopulations, progeny and individual genetic evaluations

Rosangela Maria Simeão¹; Cacilda Borges do Valle¹; Marcos Deon Vilela de Resende²; Sérgio Raposo Medeiros¹; Adriane Schio Silva³; Celina de Medeiros Ragalzi⁴; Liana Jank¹; Sanzio Carvalho Lima Barrios¹; Mateus Figueiredo Santos¹

Abstract

The autotetraploid forage Congo signal grass (Brachiaria ruziziensis) is an important component in the Brachiaria breeding program. The focus of breeding for this species has been for increased biomass yield and nutritional quality to hybridize with apomictic species; however, evaluation of seed yield is crucial to select individuals reproductively viable and able to produce hybrids cultivars that meet the market demand for seed production. As for other tropical forage grass species, the information on association between flowering and seed yield components as well as the mode of inheritance are scarce. Fifty-nine half-sib progenies of seven subpopulations were evaluated experimentally for twenty-one characters related with biomass yield, nutritional quality, flowering phenology and components of seed production, and were analysed by mixed models methodology. All characters exhibited considerably greater genetic variation within the subpopulations than among subpopulations, based on heritability magnitude. Flowering synchrony index, total number of panicles, filled-seed yield, seed-set and all characters associated with biomass yield except regrowth during the dry-season

presented statistically significant additive genetic variance both among and within subpopulations. The low magnitude of commonality between filled-seed yield and biomass yield components is beneficial for selection and genetic gain in both characters. The genetic parameters information among and within subpopulations and its use in the breeding program are discussed.

Keywords: *Brachiaria, forage grass, forage yield, genetic parameters, mixed-models, progeny test, tropical grass.*

Introdução

Cultivares do gênero *Brachiaria* são plantadas em 90% da área de pastagens tropicais cultivadas do Brasil, a qual atinge cerca de 100 milhões de hectares (JANK et al., 2014). O melhoramento genético de algumas espécies de importância econômica iniciou-se na década de 1980 e foi baseado na seleção fenotípica de ecotipos naturais, coletados e introduzidos da África (VALLE et al., 2008). O sucesso e a vantagem da obtenção de cultivares pela seleção fenotípica se deve principalmente a dois fatores. O primeiro, é a presença de apomixia em espécies poliploides importantes economicamente, isto é, a reprodução assexuada por meio de sementes, presente em *B. brizantha* (sin. *Urochloa brizantha*), *B. decumbens* (sin. *Urochloa decumbens*) e *B. humidicola* (sin. *Urochloa humidicola*) (EUCLIDES et al., 2010; JANK et al., 2014; WORTHINGTON et al., 2016). O segundo, se deve à alta magnitude da herdabilidade no sentido amplo, observada para os caracteres de importância agrônômica, principalmente aqueles associados à produção de biomassa forrageira (RESENDE et al., 2007; BASSO et al., 2009).

A presença de apomixia traz a vantagem de fixar genótipos superiores, os quais podem ser comercializados por meio de sementes, o que viabiliza o seu cultivo em áreas extensas. Entretanto, a apomixia resulta em um ponto final em termos de melhoramento, ou seja, plantas apomíticas não cruzam entre si para formar o embrião. Portanto, não ocorre a amplificação da variabilidade genética e não são geradas combinações genéticas capazes de promover a geração de indivíduos superiores e, a partir desses, permitir a obtenção de novas cultivares com características superiores. O fato de uma planta apomítica de *Brachiaria* dificilmente reunir simultaneamente todos os caracteres de interesse na produção forrageira, tais como produtividade, qualidade nutricional, resistência às pragas, tolerância ao alumínio tóxico, entre outros, determina que a obtenção de plantas com elevada frequência de alelos favoráveis para esses caracteres somente ocorrerá por meio de recombinação e seleção a partir de indivíduos que sejam capazes de se cruzarem e dei-

xarem descendentes férteis. Tal indivíduo poderá ser obtido apenas por meio de recombinação meiótica e, para isso, é necessário o cruzamento com indivíduos de reprodução sexuada compatíveis e com o mesmo nível de ploidia (MILES, 2007; WORTHINGTON; MILES, 2015).

Nesse contexto, plantas tetraploides de reprodução sexuada são imprescindíveis aos programas de melhoramento. Esse é o caso da *B. ruziziensis* autotetraploide sexual, utilizada como genitor feminino em cruzamentos controlados com espécies apomíticas doadoras de pólen, como *B. brizantha* e *B. decumbens*, que são predominantemente tetraploides ($2n = 4x = 36$). Cruzamentos interespecíficos controlados vêm sendo realizados desde a década de 1980, viabilizados pela obtenção de indivíduos tetraploidizados por meio do uso de colchicina em *B. ruziziensis* (SWENNE et al., 1981; LUTTS et al., 1991), espécie diploide ($2n = 2x = 18$) e alógama. Entretanto, esses cruzamentos foram realizados sem a seleção e sem o conhecimento prévio da variabilidade genética disponível dentro dos acessos sexuais de *B. ruziziensis* tetraploide. No melhoramento intraespecífico em *B. ruziziensis* autotetraploide ainda são necessários o conhecimento do modo de herança dos caracteres de importância agrônômica, tanto os de produção quanto aqueles associados à qualidade nutricional, bem como a utilização de métodos para identificar os indivíduos superiores por meio de seu valor genético, a fim de realizar os cruzamentos dos melhores indivíduos sexuais com os apomíticos.

No melhoramento, ênfase também deve ser dada ao conhecimento da herança dos caracteres da fenologia de florescimento e de produção de sementes. Apesar da produção de sementes não ser um caráter alvo do melhoramento de forrageiras, cultivares que produzam sementes são essenciais para a comercialização e o sucesso na adoção (WORTHINGTON et al., 2016). Assim, a análise genética da população de reprodução sexual a ser utilizada no melhoramento e o uso dessas informações deverão aumentar os ganhos com seleção nos híbridos para os caracteres objetivos, bem como, a eficiência do programa de hibridação interespecífica.

Baseado nessas premissas, foram avaliadas experimentalmente progênes de meios-irmãos de *B. ruziziensis* de sete subpopulações, as quais foram analisadas por meio de métodos de modelos mistos, com os seguintes objetivos: **a.** estimar parâmetros genéticos e fenotípicos entre e dentro de subpopulações, **b.** predizer os valores genéticos das subpopulações e seus efeitos na seleção e **c.** analisar a associação entre caracteres em auxílio à seleção por meio da estimativa dos parâmetros correlação genética e comunalidade.

Materiais e Métodos

Avaliação fenotípica

Todos os experimentos foram realizados na Embrapa Gado de Corte, localizada em Campo Grande, MS, aos 20°28´ de latitude Sul, 55°40´ longitude oeste e 530 m de altitude. O solo da área experimental é do tipo Haplic Ferralsol (Rhodic) (FAO 2006). O clima é classificado como Aw, de acordo com a classificação de Köppen, e caracterizado como tropical úmido, com verão chuvoso e inverno seco.

As 59 progênes de meios-irmãos de *B. ruziziensis* tetraploide e de reprodução sexual foram obtidas em um bloco de cruzamento de polinização aberta plantado em 2010, conforme descrito detalhadamente por Simeão e colaboradores (2012; 2016a), no qual os sete acessos originais autotetraploides da espécie (R30, R38, R41, R44, R46, R47 e R50) foram tratados como subpopulações. Esses acessos originais foram obtidos por indução de poliploidia em indivíduos diploides utilizando colchicina (SWENNE et al., 1981; LUTTS et al., 1991), a partir de acessos de *B. ruziziensis* coletados no *Ruzizi plain* (Burundi, África). Apesar da mesma origem geográfica dos indivíduos diploides utilizados na indução de tetraploidia, as diferenças locais em subpopulações são desconhecidas e foram investigadas nesse trabalho. Na avaliação das 59 progênes, foi realizado um experimento delineado em blocos ao acaso, com 20 repetições e uma planta por parcela, espaçadas em 1,5 m x 1,5 m. Dessa forma, de cada uma das subpopulações foram avaliadas, em média, oito progênes e de cada uma das progênes foram avaliados 20 indivíduos, num total de 1180 indivíduos no experimento.

O plantio foi realizado em novembro de 2012 e foram realizados nove cortes, a uma altura de 15 cm, nas seguintes datas: 1 – 19/01/13; 2 – 4 e 5/3/13; 3 – 02/04/13; 4 – 02/05/13; 5 – 10 e 11/9/13; 6 – 9/10/13; 7 – 13/11/13; 8 – 16/12/13; 9 – 22/01/14.

Os cortes 2, 3, 7, 8 e 9 foram realizados em datas em que a precipitação média mensal observada foi de 168,32 mm, portanto, no período de alta pluviosidade; enquanto que nos cortes 4, 5 e 6, a pluviosidade média mensal observada foi de 61,13 mm e, dessa forma, considerado como período de baixa pluviosidade. O corte 1 ocorreu após o estabelecimento das plantas e não foi incluído nas análises dos dados.

Os caracteres avaliados em todos os cortes foram: produção individual de matéria verde total (MV), matéria seca total (MST) e capacidade de rebrota (FIGUEIREDO et al., 2012) em plantas individuais. Nos cortes 2 e 5 foram avaliados também os caracteres produção de matéria seca de folhas (MSF) e de colmos (MSC). As amostras foliares do corte 2 foram analisadas usando a espectroscopia do infravermelho próximo (NIRS - *Near Infrared Spectroscopy*) (MARTEN et al. 1985) com a finalidade de obter os caracteres fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), teor de celulose (Cel), lignina via permanganato (Lig P) e proteína bruta (PB). A digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) também foi avaliada. Os caracteres associados à fenologia de florescimento e de produção de sementes foram avaliados semanalmente a partir de 22/01/2014. O número de dias para o florescimento (DPF) foi definido a partir da data supracitada e as plantas deveriam apresentar pelo menos três panículas em antese para serem consideradas florescidas. O período de avaliação do florescimento, com contagem do número de panículas, durou 84 dias.

A colheita de sementes também ocorreu semanalmente, a partir do dia 03/04/2014, e durou 61 dias. As panículas maduras foram cortadas no campo e levadas ao laboratório. Posteriormente, as sementes foram debulhadas, pesadas para avaliar o peso total, sopradas e novamente pesadas para quantificar o peso de sementes cheias. O

seed-set foi obtido pela proporção de sementes cheias em relação ao total de sementes para cada indivíduo.

O índice de sincronia de florescimento e de produção de sementes de Mahoro (2002) foi calculado para cada indivíduo e os resultados analisados como para os demais caracteres, conforme será descrito a seguir. A escala dos valores do índice de sincronia varia de 0,1 a 0,9, e quanto maior a magnitude, maior a sincronia de florescimento ou de produção de sementes do indivíduo em relação à população total.

Métodos estatísticos de análise dos dados

Os caracteres agrônômicos foram inicialmente analisados para cada corte visando avaliar a heterogeneidade de variância entre cortes, com base no teste de Hartley. O seguinte modelo foi utilizado: $y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (fixo) somado à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatório), e é o vetor aleatório de resíduos. As letras maiúsculas representam a matriz de incidência para os efeitos mencionados. O mesmo modelo de análise univariada foi utilizado para os caracteres associados à qualidade nutricional e aos dados de fenologia de florescimento e de produção de sementes.

Para os caracteres agrônômicos obtidos em múltiplos cortes, separados por período sazonal, foi obtida a média simples dos cortes para fins de análise e o seguinte modelo foi utilizado: $y = Xr + Za + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (fixo) somado à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatório), s é o vetor dos efeitos de subpopulação (aleatório) e e é o vetor aleatório de resíduos. As letras maiúsculas representam a matriz de incidência para os efeitos mencionados. A herdabilidade no sentido restrito foi corrigida para a endogamia, em função do tamanho efetivo da população inicial. A taxa de autofecundação foi considerada igual a 0,14 nessa correção (SIMEÃO et al., 2016).

A estatística de *deviance* foi utilizada para os testes de hipóteses dos efeitos genéticos. O ajuste dos diferentes modelos estatísticos aos dados foi

testado usando o teste de Wilks (Teste de Razão de Verossimilhança – LRT) (DOBSON, 1990; RESENDE, 2007). Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2002).

Os seguintes parâmetros foram estimados:

Herdabilidade individual no sentido restrito

$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}$, em que a σ_a^2 é a variação genética aditiva dentro de subpopulações e a σ_y^2 é a variância fenotípica total.

Coefficiente de determinação dos efeitos de subpopulações

$h_{pop}^2 = \frac{\sigma_{pop}^2}{\sigma_y^2}$, em que a σ_{pop}^2 é a variação genética entre subpopulações e pode ser estimada a partir da informação genética entre subpopulações (HOLSINGER; WEIR, 2009).

Acurácia foi estimada de acordo com Resende e colaboradores (2014).

Correlações genéticas entre caracteres, de acordo com Falconer e Mackay (1996) e a comunalidade, de acordo com Resende e colaboradores (2014).

Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta as estimativas dos parâmetros genéticos para as subpopulações e as progênies de *B. ruziziensis* tetraploide avaliadas. De acordo com a magnitude da herdabilidade, todos os caracteres apresentaram uma maior variabilidade genética dentro de subpopulações do que entre, com exceção do caráter *seed-set*. Os caracteres índice de sincronia de florescimento, número total de panículas, peso de sementes cheias, *seed-set*, peso de matéria verde, de matéria seca total, de folhas e rebrota, nas estações chuvosa e seca, apresentaram

variância genética significativa, tanto entre quanto dentro de subpopulações, com base no LRT. Esses resultados confirmam a presença de estrutura das populações para inúmeros caracteres analisados e a correta alocação das progênies em subpopulações, uma vez que, se não houvesse uma estrutura populacional, não seria evidenciada a presença de variação genética entre as subpopulações. Alguns caracteres não apresentaram diferenças genéticas significativas, nem entre nem dentro de subpopulações (índice de sincronia de sementes, peso total de sementes, FDN, FDA, PB, DIVMO e matéria seca do colmo). Outros caracteres apresentaram variação genética significativa apenas dentro de subpopulações, como número de dias para o florescimento, celulose e lignina P. A herdabilidade no sentido restrito estimada dentro de subpopulações variou de 0,06 a 0,23 para caracteres reprodutivos; de 0,01 a 0,20 para caracteres associados à qualidade nutricional e de 0,08 a 0,30 em caracteres agrônômicos, englobando a produção nos períodos de alta e baixa pluviosidade do ano. As mais altas magnitudes de herdabilidade entre subpopulações foram evidenciadas para o número total de panículas, *seed-set* e para os caracteres agrônômicos produção de matéria verde, de matéria seca total e rebrota, tanto no período anual de alta pluviosidade quanto no período de baixa.

Com base nos resultados da variabilidade genética disponível em caracteres associados à produção de sementes em *B. ruziziensis*, tais como o índice de sincronia, o número total de panículas, o peso de sementes cheias, o número de dias para o florescimento e o *seed-set*, podem ser alvo da seleção artificial para fins de melhoramento. A herdabilidade estimada para o número de dias para o florescimento em *B. ruziziensis* é similar, em magnitude, à obtida por Ashraf et al. (2016) em *Lolium perene*, que a determinaram com base em dados genômicos. A herdabilidade no sentido restrito para o número de dias para o florescimento e número de panículas em *B. ruziziensis* apresentou uma magnitude menor do que a estimada em *Dactylis glomerata* (JAFARI; NASERI, 2007; ARAGHI et al. 2014) e em *Festuca arundinacea* (MAJIDI et al., 2009). A magnitude da herdabilidade no sentido restrito para o caráter peso de sementes cheias em *B. ruziziensis* foi inferior ao evidenciado em trevo

branco (ANNICCHIARICO et al., 1999), *Bromus riparius* (ARAÚJO; COULMAN, 2002) e *Dactylis glomerata* (MAJIDI et al., 2015).

O *seed-set* em *B. ruziziensis* tetraploide sexual variou de 13% a 46% entre progênes dentro de subpopulações e de 21% a 39%, entre as subpopulações, nas condições ambientais em que esse caráter foi avaliado. A baixa porcentagem de enchimento de sementes em *B. ruziziensis* pode ter se originado e ser resultante do efeito da indução de poliploidia nesses acessos avaliados. Pagliarini e colaboradores (2008) estudaram o comportamento meiótico desses acessos tetraploides e evidenciaram que as médias de anormalidades meióticas variaram de 5,2% a 9,7% entre as subpopulações R30, R38, R41, R44 e R47, e foram maiores na subpopulação R46 (54%). O *seed-set* médio observado no presente trabalho foi de 35% para R30; 21% para R38; 39% para R41; 36% para R44; 32% para R46; 23% para R47 e 36% para R50 (Tabela 2). Portanto, as anormalidades meióticas evidenciadas na subpopulação R46 não afetaram o *seed-set* quando comparado com as progênes dos acessos R38 e R47, os quais apresentaram os menores valores de *seed-set* entre todas as subpopulações estudadas. Entretanto, a viabilidade germinativa dessas sementes precisa ser investigada, uma vez que é possível a ocorrência de barreiras pós-zigóticas que alterem nas progênes. Outro fator que pode influenciar a produção de sementes em *B. ruziziensis* é a compatibilidade de pólen entre e dentro de progênes. Estudos demonstraram que há uma elevada autoincompatibilidade em *B. ruziziensis*, tanto no nível diploide (FERGUSON; CROWDER, 1974) quanto no autotetraploide (LUTTS et al., 1991). A autoincompatibilidade não foi investigada nesse trabalho.

O valor do coeficiente de variação genética aditiva entre subpopulações variou de 0,04 (índice de sincronia de florescimento) a 0,22 (produção de matéria verde na estação seca) (Tabela 1) considerando apenas os caracteres cuja variação genética entre e dentro de subpopulações foi significativa. Com base na magnitude dessa estimativa, as fontes de variabilidade provenientes de subpopulações, tanto entre quanto dentro, devem ser consideradas na seleção para os caracteres número total

de panículas (0,16), peso de sementes cheias (0,10), *seed-set* (0,15) e para todos os caracteres associados à produção de biomassa forrageira, nos períodos de alta e baixa pluviosidade (Tabela 1). A acurácia seletiva total para esses caracteres aumentou quando as duas fontes de variabilidade (entre subpopulações e individual) foram consideradas simultaneamente para fins de seleção, em relação ao uso apenas da acurácia individual (Tabela 1). Particularmente, as subpopulações de *B. ruziziensis* apresentam diferentes valores genéticos para os caracteres associados à produção de sementes (Tabela 2) e para caracteres agrônômicos (Tabela 3), conforme esperado, bem como nas magnitudes de suas acurácias. A subpopulação R38, com maior valor genético (VG) para número de panículas, apresentou o menor VG para o peso de sementes cheias e para o *seed-set*, todos estimados com elevada acurácia. Contrariamente, a R41 apresentou os maiores VG para as mesmas características, mas com baixa acurácia. Para fins de seleção entre subpopulações, para os caracteres associados à produção de sementes, a decisão é a de enfatizar a seleção de indivíduos das subpopulações R44 e R50, pois ambas apresentaram elevadas acurácias e VG elevados, em comparação com as outras.

Na Tabela 3, são apresentados os valores genéticos preditos para os caracteres associados à produção de biomassa e as suas respectivas acurácias estimadas nas subpopulações avaliadas, nos períodos de alta e baixa pluviosidade anual. Para todos os caracteres, as subpopulações R47 e R38 foram superiores às outras subpopulações, de forma que a ênfase na seleção de ambas promoverá ganhos genéticos que variam de 13% (para rebrota nas duas estações) a 66% (para produção de matéria verde no período seco do ano), em relação à média geral. A utilização de índices de seleção para obtenção de ganhos em vários caracteres simultaneamente será essencial na identificação de indivíduos, nessas populações, que tenham potencial de apresentar elevada produção de biomassa e com capacidade de produzir sementes, para atender a demanda para comercialização das futuras cultivares híbridas.

Na Tabela 4, são apresentados os resultados da comunalidade e corre-

lações genéticas estimadas entre 11 caracteres associados à produção de biomassa e à produção de sementes em *B. ruziziensis* autotetraploide. É notória a baixa correlação genética, bem como uma correlação genética negativa entre peso de sementes cheias e *seed-set* com todos os caracteres associados com a produção de biomassa forrageira nas duas estações. Nesse caso, a ausência de efeitos positivos ou negativos entre a produção de biomassa e de sementes é benéfica para o melhoramento, uma vez que a seleção para um caráter não afetará os ganhos no outro, sendo que ambos são alvos da seleção. O número de panículas correlaciona-se positivamente com o índice de sincronia de florescimento, mas negativamente com o peso de sementes cheias e com o *seed-set*, sendo que esses dois últimos caracteres não podem ser beneficiados pela seleção indireta visando o ganho com seleção em ambos, pelo menos para os caracteres avaliados nesse trabalho.

A correlação genética entre caracteres é um parâmetro informativo na seleção indireta e na determinação da resposta correlacionada na seleção, principalmente quando esse parâmetro apresenta elevadas magnitudes (FALCONER; MACKAY, 1996). Além disso, a correlação genética entre caracteres indica relação entre os caracteres devida aos efeitos pleiotrópicos dos genes, o que inclui o desequilíbrio de ligação, sendo que esse último pode provocar uma correlação apenas transitória. Diferentemente, o parâmetro comunalidade, que é análogo ao *path coefficient* (KLOTH, 1998; ZENG et al., 2014), é mais apropriado para análises por modelos lineares generalizados e permite uma melhor determinação das contribuições únicas e comuns das variáveis preditoras nas variáveis dependentes. Assim, a comunalidade entre dois caracteres fornece a informação da variância explicada por cada caráter mensurado e a contribuição comum de um ou mais caracteres na composição de outros (CAPRARO; CAPRARO, 2001) e auxilia o melhorista na tomada de decisão na seleção.

Em geral, correlações genéticas de alta ou baixa magnitude não implicam alta ou baixa comunalidade entre os caracteres (Tabela 4). Merecem destaque as elevadas magnitudes de comunalidade e capacidade

preditiva entre matéria seca total na estação de alta e baixa pluviosidade (0,81); entre matéria seca foliar e matéria seca total na estação de alta pluviosidade (0,86) e baixa pluviosidade (0,65); e a capacidade de rebrota das plantas nas duas estações (0,80). Nos caracteres fenológicos da produção de sementes há uma capacidade preditiva determinando o número de panículas pela produção de matéria seca na estação de alta pluviosidade (0,31) e baixa pluviosidade (0,53). Entretanto, não há uma capacidade preditiva de nenhum dos caracteres agrônômicos ou fenológicos estudados na produção de sementes cheias. Simeão e colaboradores (2016c – *in press*) evidenciaram uma elevada comunalidade (0,67) entre produção total de sementes e produção de sementes cheias, além de uma comunalidade moderada (0,22) entre produção total de sementes e número de panículas.

O conhecimento do modo de herança de caracteres no melhoramento da forrageira *B. ruziziensis* autotetraploide sexual, bem como as inter-relações e interdependência entre os caracteres, proporcionam uma nova informação útil que deve contribuir para os avanços e ganhos genéticos na espécie e na obtenção de híbridos interespecíficos. A presença de variabilidade genética entre subpopulações indica que os diferentes caracteres experimentaram diferentes pressões de seleção natural em sua evolução. A informação e detecção dessa variabilidade entre subpopulações também deve ser capitalizada pelo melhoramento, de forma que, partindo de médias genéticas altas (ou altos valores genéticos), maior deverá ser a superioridade genética esperada nos híbridos gerados, tanto entre subpopulações quanto nos híbridos interespecíficos, no que se refere à capacidade geral de combinação.

Considerações finais

A herdabilidade dentro de subpopulações e o coeficiente de determinação dos efeitos genéticos entre subpopulações são de baixa magnitude ($< 0,30$) para todos os caracteres avaliados em progênies de *B. ruziziensis*. Esse resultado demandará o uso de métodos de seleção que conduzam a uma elevada acurácia na seleção, como a seleção combinada baseada em melhor predição linear não-viesada (*Best Linear*

Unbiased Prediction – BLUP). Há ausência de variabilidade genética nessa população de melhoramento para os caracteres teor de proteína bruta e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica, o que impossibilitará a obtenção de ganhos intraespecíficos para os mesmos.

A superioridade das subpopulações R44 e R50 para a produção de sementes e das subpopulações R47 e R38 para a produção de biomassa são orientadoras sobre decisões e investimentos técnicos na obtenção de híbridos interespecíficos em que a *B. ruziziensis* autotetraploide é utilizada como genitor feminino. Assim, maior ênfase deverá ser dada na seleção de indivíduos superiores das progênies dessas subpopulações, na realização de cruzamentos controlados com indivíduos apomíticos, visando a obtenção de maiores ganhos genéticos nos híbridos.

Com base na comunalidade e correlação genética entre os caracteres, a seleção para produção de sementes cheias independe dos outros caracteres avaliados. Esse resultado é importante para a seleção e para as decisões no melhoramento uma vez que a seleção no caráter produção de sementes não afetará a seleção e os ganhos na produção de biomassa.

Os resultados obtidos e a seleção de indivíduos superiores em *B. ruziziensis*, com base em índice de seleção (SIMEÃO et al., 2016b), bem como os resultados obtidos nesse trabalho permitirão a orientação de cruzamentos interespecíficos, a fim de explorar a capacidade específica de combinação e dar sequência aos passos do programa de melhoramento. Como método, a proposição da seleção recorrente recíproca em *Brachiaria* feita por Worthington e Miles (2015) é bastante adequada, principalmente por que o programa de melhoramento realizado no Brasil, pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa, partirá de uma maior variabilidade e conhecimento da superioridade das subpopulações de reprodução sexuada disponíveis.

Referências

- ANNICCHIARICO, P.; PIANO, E.; RHODES, I. Heritability of, and genetic correlations among, forage and seed yield traits in Ladino white clover. **Plant Breeding**, v. 118, p. 341-346, 1999.
- ARAGHI, B.; BARATI, M.; MAJIDI, M. M.; MIRLOHI, A. Application of half-sib mating for genetic analysis of forage yield and related traits in *Bromus inermis*. **Euphytica** v. 196, p. 25-34, 2014.
- ARAÚJO M. R. R. DE; COULMAN, B. E. Genetic variation, heritability and progeny testing in meadow brome grass. **Plant Breeding**, v. 121, p. 417-424, 2002.
- ASHRAF, B. H.; BYRNE, S.; FÉ, D.; CZABAN, A.; ASP, T.; PEDERSEN, M. G.; LENK, I.; ROULUND, N.; DIDION, T.; JENSEN, C. S.; JENSEN, J.; JANSS, L. L. Estimating genomic heritabilities at the level of family-pool samples of perennial ryegrass using genotyping-by-sequencing. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, p. 45-52, 2016.
- BASSO, K. C.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; GONÇALVES, M. C.; LEMPP, B. *Brachiaria brizantha* Stapf access evaluation and estimates of genetic parameters for agronomical characters. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 31, p. 17-22, 2009.
- CAPRARO, R. M.; CAPRARO, M. M. Commonality analysis: understanding variance contributions to overall canonical correlation effects of attitude toward mathematics on geometry achievement. **Multiple Linear Regression Viewpoints**, v. 27, p. 16-23, 2001.
- DOBSON, A. J. **An introduction to generalized linear models**. Chapman & Hall, Melbourne. 1990.
- EUCLIDES, V. P. B.; VALLE, C. B.; MACEDO, M. C. M.; ALMEIDA, R. G.; MONTAGNER, D. B.; BARBOSA, R. A. Brazilian scientific progress in pasture research during the first decade of XXI century. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 151-168. 2010.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Longman, Harlow. 1996. 464p.
- FAO. **World reference base for soil resources 2006**. Disponível em: <ftp://ftp.fao.org/agl/agll/docs/wsr103e.pdf>. 2006.
- FERGUSON, J. E.; CROWDER, L. V. Cytology and breeding behavior of *Brachiaria ruzi-*

ziensis Germain et Evrard. **Crop Science**, v. 14, p. 893-895, 1974.

FIGUEIREDO, U, J.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 237-244, 2012.

HOLSINGER, K. E.; WEIR, B. S. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{ST} . **Nature Reviews**, v. 10, p. 639-650, 2009.

JAFARI, A., NASERI, H. Genetic variation and correlation among yield and quality traits in cocksfoot (*Dactylis glomerata* L.). **Journal of Agricultural Science**, v. 145, p. 599-610, 2007.

JANK, L.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B.; SIMEÃO, R. M.; ALVES, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v. 65, p. 1132-1137. 2014.

KLOTH, R. H. Analysis of commonality for traits of cotton fiber. **Journal of Cotton Science**, v. 2, p. 17-22, 1998.

LUTTS, S.; NDIKUMANA, J.; LOUANT, B. P. Fertility of *Brachiaria ruziziensis* in interspecific crosses with *Brachiaria decumbens* and *Brachiaria brizantha*: meiotic behaviour, pollen viability and seed set. **Euphytica**, v. 57, p. 267-274, 1991.

MAHORO, S. Individual flowering schedule, fruit set, and flower and seed predation in *Vaccinium hirtum* Thunb. (Ericaceae). **Canadian Journal of Botany**, v. 80, p. 82-92, 2002.

MAJIDI, M. M.; MIRLOHI, A.; AMINI, F. Genetic variation, heritability and correlations of agro-morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). **Euphytica**, v. 167, p. 323-331, 2009.

MAJIDI, M. M.; HOSEINI, B.; ABTAHI, M.; MIRLOHI, A.; ARAGHI, B. Genetic analysis of seed related traits in Orchardgrass (*Dactylis glomerata*) under normal and drought stress conditions. **Euphytica**, v. 230, p. 409-420, 2015.

MARTEN, G. C.; SHENK, J. S.; BARTON II, F. E. **Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis quality**. USDA, Washington, DC. 1985.

MILES, J. W. Apomixis for cultivar development in tropical grasses. **Crop Science**, v. 47, p. S238-S249, 2007.

PAGLIARINI, M. S.; RISSO-PASCOTTO, C.; SOUZA-KANESHIMA, A. M.; VALLE, C. B. Analysis of meiotic behavior in selecting potential genitors among diploid and artificially induced tetraploid accessions of *Brachiaria ruziziensis* (Poaceae). **Euphytica**, v.164, p. 181-187, 2008.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Embrapa Florestas, Colombo. 2007.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen – REML/BLUP**. Embrapa Florestas, Colombo. 2002.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional**. Suprema, Viçosa. 2014.

RESENDE, R. M. S.; RESENDE, M. D. V.; VALLE, C. B.; JANK, L.; TORRES-JÚNIOR, R. A. A.; CANÇADO, L. J. Selection efficiency in *Brachiaria* hybrids using *a posteriori* blocking. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 296-303, 2007.

SIMEÃO, R.; SILVA, A.; VALLE, C.; RESENDE, M. D.; MEDEIROS, S. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding**, v. 135, p. 246-253, 2016a.

SIMEÃO, R. M.; SILVA, A. S.; VALLE, C. B. Flowering traits in tetraploid *Brachiaria ruziziensis* breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 95-101, 2016b.

SIMEÃO, R.; VALLE, C.; RESENDE, M. D. Unraveling the inheritance, Q_{ST} and reproductive phenology attributes of the tetraploid tropical grass *Brachiaria ruziziensis* (Germain et Evrard). **Plant Breeding**, 2016 (aceito para publicação).

SIMEÃO, R. M.; VALLE, C. B.; ALVES, G. F.; MOREIRA, L. D. A.; SILVA, D. R.; ARAÚJO, D. F.; FERREIRA, R. C. U.; BARRIOS, S. C. L.; JANK, L.; CARAMALAC, G. R.; NAKA, I. M.; CALIXTO, S.; CARVALHO, J. Melhoramento de *Brachiaria ruziziensis* tetraploide sexual na Embrapa: métodos e avanços. Embrapa, Campo Grande. <http://old.cnpgc.embrapa.br/publicacoes/doc/DOC194.pdf>. 2012.

SWENNE, A.; LOUANT, B-P.; DUJARDIN, M. Induction par la colchicine de formes autotétraploïdes chez *Brachiaria ruziziensis* Germain et Evrard (Graminée). **Agronomie Tropicale**, v. 36, p. 134-141, 1981.

VALLE, C. B.; SIMIONI, C.; RESENDE, R. M. S.; JANK, L. Melhoramento genético de

Brachiaria. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (eds) **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Embrapa Gado de Corte, Campo Grande. pp 13-53. 2008.

WORTHINGTON, M. L.; MILES, J. W. Reciprocal full-sib recurrent selection and tools for accelerating genetic gain in apomictic *Brachiaria*. In: BUDAK, H.; SPANGENBERG, G. (ed.), **Molecular breeding of forage and turf**, 19-30. Springer International Publishing, Switzerland. 2015.

WORTHINGTON, M. L.; HEFFELFINGER, C.; BERNAL, D.; QUINTERO, C.; ZAPATA, Y. P.; PEREZ, J. G.; VEGA, J.; MILES, J. W.; DELLAPORTA, S.; TOHME, J. A parthenogenesis gene candidate and evidence for segmental allopolyploidy in apomictic *Brachiaria decumbens*. **Genetics**, v. 203, p. 1117-1132. 2016.

ZENG, L.; BECHERE, E.; BOYKIN, D. L. Commonality analysis and selection of parents for within-boll yield components in upland cotton. **Euphytica**, v. 199, p. 339-348, 2014.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos por meio de modelos lineares mistos obtidas a partir de observações fenotípicas em caracteres associados à fenologia do florescimento e da produção de sementes, da qualidade nutricional e dos caracteres agronômicos da produção de forragem em progênes de *Brachiaria ruziziensis*.

Caracteres	h^2_a	h^2_{pop}	b	\hat{r}_{ggprog}	c	\hat{r}_{gspop}	d	\hat{r}_{gg}	e	Média estimada	LRT ⁹
Reprodutivos											
Índice de sincronia de florescimento	0,21	0,04	0,04	0,66	0,66	0,73	0,73	0,80	0,80	0,80	**/**
Índice de sincronia de sementes	0,06	0,01	0,01	0,40	0,40	0,54	0,54	0,47	0,47	0,40	ns/ns
Número total de panículas	0,22	0,16	0,16	0,67	0,67	0,85	0,85	0,78	0,78	89,30	**/**
Peso total de sementes (g)	0,07	0,02	0,02	0,43	0,43	0,62	0,62	0,59	0,59	28,10	ns/ns
Peso de sementes cheias (g)	0,11	0,10	0,10	0,43	0,43	0,83	0,83	0,69	0,69	9,60	**/**
Número de dias para o florescimento	0,23	0,01	0,01	0,67	0,67	0,47	0,47	0,71	0,71	68,00	**/**
Seed-set	0,12	0,15	0,15	0,57	0,57	0,85	0,85	0,81	0,81	0,31	**/**
Qualidade nutricional											
Fibra em detergente neutro (g kg ⁻¹)	0,01	0,01	0,01	0,15	0,15	0,66	0,66	0,56	0,56	653,60	ns/ns
Fibra em detergente ácido (g kg ⁻¹)	0,09	0,03	0,03	0,51	0,51	0,74	0,74	0,64	0,64	332,90	ns/ns
Celulose (g kg ⁻¹)	0,18	0,01	0,01	0,64	0,64	0,56	0,56	0,73	0,73	193,80	**/**
Lignina P (g kg ⁻¹)	0,20	0,02	0,02	0,66	0,66	0,63	0,63	0,75	0,75	97,60	**/**
Proteína bruta (g kg ⁻¹)	0,11	0,02	0,02	0,55	0,55	0,65	0,65	0,64	0,64	164,10	ns/ns
DIVMO ^h (%)	0,02	0,01	0,01	0,30	0,30	0,50	0,50	0,37	0,37	56,90	ns/ns

Agrônômicos: estação chuvosa									
Matéria verde (kg planta ⁻¹)	0,28	0,13	0,77	0,83	0,85	0,50	**/**		
Matéria seca total (kg planta ⁻¹)	0,30	0,15	0,78	0,83	0,86	0,10	**/**		
Rebrota (notas)	0,23	0,14	0,74	0,84	0,84	3,10	**/**		
Matéria seca de folhas (kg planta ⁻¹)	0,30	0,07	0,86	0,76	0,88	0,09	**/**		
Matéria seca de colmo (kg planta ⁻¹)	0,08	0,03	0,53	0,73	0,66	0,03	ns/ns		
Agrônômicos: estação seca									
Matéria verde (kg planta ⁻¹)	0,29	0,22	0,78	0,86	0,87	0,20	**/**		
Matéria seca total (kg planta ⁻¹)	0,26	0,21	0,77	0,86	0,87	0,07	**/**		
Rebrota (notas)	0,17	0,15	0,69	0,85	0,83	2,90	**/**		

*, ** P < 0,01, 0,005; ns: não significativo; herdabilidade individual no sentido restrito; bcoeficiente de determinação dos efeitos de subpopulações; c, d, e acurácia na seleção de progênes, na seleção de populações e total, respectivamente; gteste de razão de verossimilhança para variação genética entre progênes/variação genética entre subpopulações; hDIVMO – digestibilidade in vitro da matéria orgânica.

Tabela 2. Valores genéticos (VG) para os caracteres associados à fenologia do florescimento e da produção de sementes préritos nas subpopulações de *Brachiaria ruziziensis* tetraploide.

Subpopulação	Índice de sincronia florescimento		Número de panículas		Peso de sementes chetas		Seed-set	
	VG	Acurácia	VG	Acurácia	VG	Acurácia	VG	Acurácia
R30	0,8	0,63	76	0,82	11	0,78	0,35	0,82
R38	0,7	0,79	147	0,88	6	0,87	0,21	0,89
R41	0,8	0,50	76	0,73	14	0,66	0,39	0,72
R44	0,8	0,83	70	0,90	10	0,89	0,36	0,90
R46	0,8	0,72	94	0,86	8	0,83	0,32	0,86
R47	0,8	0,81	88	0,89	8	0,88	0,23	0,89
R50	0,7	0,83	71	0,89	10	0,88	0,36	0,90

Tabela 3. Valores genéticos (VG) para os caracteres agrônomicos da produção de forragem (kg planta⁻¹) e rebrota (notas de 1 a 5) preditos nas subpopulações de *Brachiaria ruziziensis* autotetraploide, nos períodos anuais de alta e baixa pluviosidade.

Subpopulação	Alta pluviosidade						Baixa pluviosidade							
	Matéria Verde		MS Total		Rebrota		MS foliar		Matéria Verde		MS Total		Rebrota	
	VG	Acu-rácia	VG	Acu-rácia	VG	Acu-rácia	VG	Acu-rácia	VG	Acu-rácia	VG	Acu-rácia	VG	Acu-rácia
R30	0,41	0,77	0,09	0,78	2,93	0,79	0,09	0,67	0,17	0,82	0,06	0,82	2,69	0,81
R38	0,56	0,87	0,13	0,87	3,47	0,87	0,10	0,81	0,38	0,89	0,11	0,89	3,40	0,88
R41	0,46	0,68	0,11	0,69	2,98	0,70	0,09	0,55	0,19	0,75	0,06	0,75	2,59	0,73
R44	0,39	0,88	0,09	0,89	2,86	0,89	0,09	0,85	0,15	0,90	0,05	0,90	2,63	0,90
R46	0,42	0,83	0,10	0,84	3,10	0,84	0,09	0,76	0,25	0,86	0,08	0,96	2,94	0,85
R47	0,60	0,87	0,14	0,88	3,52	0,88	0,12	0,83	0,29	0,89	0,09	0,89	3,40	0,89
R50	0,40	0,88	0,09	0,89	2,94	0,89	0,09	0,85	0,17	0,90	0,05	0,90	3,41	0,88

Tabela 4. Comunalidade (acima da diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal) entre os caracteres associados com a fenologia e com a produção forrageira em progênes tetraploides de *B. ruziziensis*.

Caracteres	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
(1) Matéria verde (alta pluviosidade)	-	0,45	0,35	0,01	0,76	0,34	0,01	0,00	0,11	0,00	0,00
(2) Matéria seca total (alta pluviosidade)	0,99	-	0,86	0,02	0,45	0,81	0,02	0,00	0,31	0,01	0,00
(3) Matéria seca foliar (alta pluviosidade)	0,88	0,86	-	0,02	0,32	0,65	0,02	0,00	0,09	0,01	0,00
(4) Rebrota (alta pluviosidade)	0,84	0,84	0,78	-	0,00	0,02	0,80	0,15	0,01	-0,02	-0,06
(5) Matéria verde (baixa pluviosidade)	0,79	0,79	0,63	0,71	-	0,52	0,01	0,00	0,28	0,00	0,00
(6) Matéria seca total (baixa pluviosidade)	0,81	0,81	0,65	0,74	0,99	-	0,02	0,00	0,53	-0,01	0,00
(7) Rebrota (baixa pluviosidade)	0,81	0,82	0,67	0,80	0,78	0,79	-	0,09	0,01	-0,03	-0,04
(8) Índice de sincronia de florescimento	0,45	0,48	0,43	0,52	0,41	0,40	0,33	-	0,00	0,01	-0,39
(9) Número de panículas	0,30	0,31	0,09	0,23	0,56	0,53	0,25	0,48	-	-0,01	0,00
(10) Peso de sementes cheias	0,08	0,08	0,07	-0,05	-0,04	-0,06	-0,06	-0,20	-0,10	-	0,04
(11) <i>Seed set</i>	-0,20	-0,23	-0,15	-0,21	-0,27	-0,30	-0,17	-0,39	-0,34	0,62	-



Gado de Corte

**Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento**

**Governo
Federal**

CGPE 13311