

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE
Paspalum spp. NO ÂMBITO DOS CERRADOS**

Allan Kardec Braga Ramos
Engenheiro Agrônomo

Jaboticabal – SP
2002

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE
Paspalum spp. NO ÂMBITO DOS CERRADOS**

Allan Kardec Braga Ramos

Orientador: Prof. Dr. Luís Roberto de Andrade Rodrigues

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias do Câmpus de Jaboticabal – Unesp, para obtenção do título de Doutor em Zootecnia – Área de concentração em Produção Animal

Jaboticabal – SP
Março de 2002

Ramos, Allan Kardec Braga
R175a Avaliação agronômica de genótipos de *Paspalum* spp. no âmbito dos Cerrados / Allan Kardec Braga Ramos. -- Jaboticabal, 2002
xiv, 288 f. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2002

Orientador: Luís Roberto de Andrade Rodrigues

Banca examinadora: Vanildo Favoretto, Luiz Alberto Rocha Batista, Domicio do Nascimento Júnior, Euclides Braga Malheiros
Bibliografia

1. *Paspalum* spp. – seleção. 2. Pastagens. 3. Planta forrageira. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação.

ATENÇÃO: AO CONVERTER O ARQUIVO DO FORMATO MS-WORD PARA O FORMATO PDF, HOUVE MUDANÇA NA DIMENSÃO DO TEXTO, FICANDO O NÚMERO DE PÁGINAS DIFERENTE DAQUELE DAS VERSÕES DEPOSITADAS NAS BIBLIOTECAS. ASSIM, CASO NECESSITE CITAR A TESE, POR FAVOR ATENTAR PARA O NÚMERO CORRETO DE PÁGINAS: 288

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Allan Kardec Braga Ramos nasceu em 18 de julho de 1968 no Distrito de Araras, município de Reriutaba – Ceará, a atual cidade de Varjota – Ceará. Graduou-se Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal do Ceará (UFC) em 1990. No período entre 1990 a 1991, foi bolsista do CNPq na modalidade aperfeiçoamento, desenvolvendo projeto de pesquisa da EMBRAPA Cerrados com pastagens nativas. Entre 1995 e 1997, foi pesquisador na área de agronomia de pastagens no convênio CIAT - IICA - EMBRAPA Cerrados e na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Em 1997, obteve o título de Mestre em Ciência Animal e Pastagens pela Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ-USP). Em 1998, iniciou o curso de pós-graduação, em nível de doutorado, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (FCAV-Unesp), Câmpus de Jaboticabal. Entre 2000 e 2001, foi contratado pela Companhia de Desenvolvimento dos Vales do São Francisco e do Parnaíba (CODEVASF) como técnico em desenvolvimento e empreendimentos. Em outubro de 2001, foi contratado pela EMBRAPA Cerrados como pesquisador na área de forragicultura e pastagens.

Aos meus pais, Isalena e Magalhães, e irmãos, Allan Karlos, Fabíola e Anna Karla, dedico com carinho.

*Sê escravo do saber se queres ser
verdadeiramente livre*
(Sêneca)

À minha esposa, amiga e companheira,
Fernanda, e ao nosso querido filho, o
pequenino Vitor, ofereço com amor.

AGRADECIMENTOS

Este trabalho é o registro de mais uma etapa de crescimento profissional e pessoal que tive a felicidade de vivenciar e compartilhar com muitos amigos, colegas e parceiros. A sua concretização tornou-se possível porque pessoas e instituições proporcionaram suporte de naturezas diversas, com demonstrações de confiança, carinho e aposta em nosso trabalho.

Pelas equipes envolvidas na concepção, condução, análise crítica e orientação deste trabalho, sinto-me lisonjeado em poder ser o interlocutor de grande parte da informação gerada e ora apresentada. Minha satisfação também reside no fato deste trabalho ser a síntese de uma jornada acadêmica e o marco do início de um novo momento profissional que tanto almejei. Além disso, graças à oportunidade de realizar este curso em Jaboticabal, tive a felicidade de poder constituir uma família, cujo suporte foi decisivo para a conclusão deste trabalho. Assim, quero registrar os meus agradecimentos às seguintes pessoas e instituições:

Ao Prof. Dr. Luís Roberto de Andrade Rodrigues, pela orientação e por sua contribuição para a minha formação profissional e para a vida, do qual me orgulho de ter sido seu discípulo e mais que um aluno.

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV-UNESP) e ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia – Produção Animal pela oportunidade de aprendizado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de estudos concedida, e à Sociedade brasileira pelos recursos que são alocados nas instituições de fomento à pesquisa, instituições de pesquisa e universidades públicas, das quais fui usuário e fruto desse esforço.

Ao Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados (EMBRAPA Cerrados), ao Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) e ao Centro Nacional de Pesquisa em Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN) pela

possibilidade de utilização das informações geradas em seus trabalhos de pesquisa e que compuseram esta tese. Personifico estes agradecimentos ao Dr. Carlos Magno Campos da Rocha, Chefe Geral da EMBRAPA Cerrados, ao Dr. Ronaldo Pereira de Andrade, Chefe de Pesquisa e Desenvolvimento da EMBRAPA Cerrados, ao Dr. Esteban Alberto Pizarro, anteriormente consultor do CIAT na EMBRAPA Cerrados e atualmente professor da Universidad de la Republica (Montevidéu-Uruguai) e ao Dr. José Francisco Montenegro Valls, da EMBRAPA-CENARGEN por terem me facultado o uso das informações que figuram nesta tese.

À EMBRAPA Cerrados, através de sua Chefia Geral, pela liberação das atividades profissionais para conclusão do curso;

À Companhia de Desenvolvimento dos Vales do São Francisco e do Parnaíba, em especial à Coordenadoria de Apoio à Produção (DO/AP), pelas facilidades concedidas para que eu me dedicasse às atividades e compromissos acadêmicos.

Aos professores da FCAV-UNESP pelos muitos ensinamentos, ótimo relacionamento e acessibilidade, marcas registradas dessa instituição. Em particular, destaco o Prof. Dr. Vanildo Favoretto pela seriedade como encara a sua missão como docente.

Aos colegas de curso e amigos Léo Carlos Michel Filho, Gumercindo Loriano Franco, José Valmir Feitosa, Djalma de Freitas, Enrique Alejandro Yanes, João Paulo Guimarães Soares, Evandro Neves Muniz pela agradável convivência e momentos de descontração. Aos também colegas de curso e irmãos em orientação, Simony Marta Bernardo Lugão, Cecílio Viega Soares Filho e Danilo Gusmão de Quadros, pela oportunidade de usufruir de suas amizades e de seus conhecimentos. Em especial, agradeço ao Fábio Prudêncio de Campos e ao Danilo Gusmão de Quadros pela convivência mais intensa, pelos aconselhamentos recíprocos, pelo crescimento profissional conjunto e por compartilharmos nossos anseios, ideais, idéias e sonhos.

Agradeço aos funcionários da FCAV-UNESP, José Ricardo Del Vecchio e Fernando Mendes pelo auxílio nas atividades de implantação de um experimento no Setor de Forragicultura, e ao Francisco José Tolozza Parolin e ao Danilo Gusmão de Quadros, pelo interesse e disposição em conduzi-lo.

Aos membros da comissão examinadora da tese, Prof. Dr. Vanildo Favoretto, Prof. Dr. Euclides Braga Malheiros, Dr. Luiz Alberto Rocha Batista e Prof. Dr. Domício do Nascimento Júnior pelas críticas e sugestões apresentadas ao trabalho e por propiciarem mais uma oportunidade de aprendizado.

Agradeço àqueles que me possibilitaram iniciar e trilhar o caminho da pesquisa em pastagens, Dr. Elino Alves de Moraes, Dr. Herbert Barbosa de Mattos e Dr. Esteban Alberto Pizarro. Também agradeço aos colegas da EMBRAPA Cerrados pela torcida, apoio e inúmeras e intensas demonstrações de carinho, em especial daqueles ligados à pesquisa em produção animal, mesmo quando formalmente não fazia parte do time.

Quero agradecer a meus pais e irmãos que sempre entenderam a ausência do filho e que através de suas atitudes, palavras e preces são minhas principais referências de valores e fontes de motivação. Aos demais parentes, estendo a minha gratidão pela forma carinhosa como me tratam, torcem e me vêem.

Agradeço à minha sogra, Celina Aparecida Marcussi Tucci, e ao meu sogro, Jayme José Tucci, pelas preces, torcida e acolhida em seu lar, que foram tão importantes na fase final do curso, e pela atenção dispensada ao pequeno Vitor.

Também agradeço a minha esposa, Fernanda Marcussi Tucci Ramos, que compreendeu a minha ausência em muitos momentos importantes de nossa recente vida conjugal, e que muito me ajudou com a sua postura positiva e serena quando, por vezes, achava-me sem forças ou abatido.

Por fim, agradeço a Deus, sempre presente, mesmo quando estive distante, que me permitiu levar e guardar mais que o perfume da Cidade das Rosas.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	xi
ABSTRACT	xiii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. O gênero <i>Paspalum</i> L.	5
2.1.1. Origem, dispersão e diversidade genética disponível no Brasil	5
2.1.2. Uso atual e potencial	7
2.2. Avaliação agrônômica e seleção de forrageiras	11
2.3. Introdução e avaliação agrônômica de <i>Paspalum</i> spp. no trópico brasileiro	13
2.3.1. Histórico das introduções no trópico brasileiro	13
2.3.2. Avaliação agrônômica no trópico brasileiro	16
2.3.2.A. Fase de estabelecimento.....	16
2.3.2.B. Produção de forragem – anual e estacional	18
2.3.2.C. Componentes da produção da forragem e valor nutritivo	23
2.3.2.D. Fenologia reprodutiva e produção de sementes.....	27
2.3.3. Análise de adaptabilidade e de estabilidade para a produção de forragem.....	30
2.3.4. Fertilidade do solo e produção de forragem	34
2.4. Métodos multivariados	39
2.4.1. Análise de variância multivariada.....	40
2.4.2. Análise de componentes principais.....	41
2.4.3. Análise de agrupamentos	44
3. MATERIAL E MÉTODOS	48
3.1. Localização e clima	48
3.2. Tratamentos, unidades experimentais e delineamento.....	48
3.3. Manejo	57
3.4. Avaliações	57
3.4.1. FASE I - Estabelecimento, produção de forragem e valor nutritivo .	57
3.4.2. FASE II - Fenologia reprodutiva e produção de sementes	62
3.5. Análise estatística dos dados.....	67
3.5.1. Análise de variância multivariada e univariada	67
3.5.2. Análise de componentes principais e análise de agrupamentos	71
3.5.3. Análise de adaptação e estabilidade na produção de forragem	73

4.	RESULTADOS E discussão.....	77
4.1.	Avaliações da fase de estabelecimento, da produção e do valor nutritivo da forragem.....	77
4.1.1.	Análise de variância multivariada.....	77
4.1.2.	Análise de medidas repetidas no tempo, análise de variância univariada e estatísticas descritivas.....	79
4.1.2.A.	Medidas da produção de forragem repetidas no tempo	79
4.1.2.B.	Análise de variância univariada e estatísticas descritivas	87
4.1.2.B.I.	Cobertura do solo (COB-EST92).....	88
4.1.2.B.II.	Massa Seca Total ao final da fase de estabelecimento (MST-EST92)	90
4.1.2.B.III.	Produções de Massa Verde Seca (MVS), senescida (MSS) e total (MST) ao final da estação seca 1992	93
4.1.2.B.IV.	Produção de Massa Total ao final da estação seca 1993 (MST-SECA93).....	99
4.1.2.B.V.	Produção de Massa Seca Total (MST) acumulada em duas estações secas - Seca 1992 e Seca 1993	105
4.1.2.B.VI.	Produção de Massa Seca Total na rebrota de 45 dias no início da estação chuvosa (MST-REB45) e Massa Seca Total acumulada ao final da estação chuvosa 1992/93 (MST-CHUVA92/93).....	109
4.1.2.B.VII.	Produção de Massa Seca Total ao final da estação chuvosa 1993/94 (MST-CHUVA93/94).....	113
4.1.2.B.VIII.	Produção de Massa Seca Total (MST) acumulada em duas estações chuvosas - Chuva 1992/93 e Chuva 1993/94	116
4.1.2.B.IX.	Produção de Massa Seca Total (MST) acumulada ao longo da fase de estabelecimento, das estações secas (1992 e 1993) e das estações chuvosas (1992/93 e 1993/94).....	120
4.1.2.B.X.	Teor de Proteína Bruta na Massa Seca Total (PB-REB45) acumulada na rebrota de 45 dias no início da estação chuvosa 1992/93.....	124
4.1.2.B.XI.	Digestibilidade <i>in vitro</i> da massa seca (DIVMS-REB45) da forragem acumulada na rebrota de 45 dias no início da estação chuvosa 1992/93.	126
4.1.3.	Correlação entre variáveis	130
4.1.4.	Análise de componentes principais.....	135
4.1.4.A.	Fertilidade Inicial Menor.....	135
4.1.4.B.	Fertilidade Inicial Maior	140
4.1.5.	Análise de agrupamentos	151
4.1.5.A.	Fertilidade Inicial Menor.....	152

AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE *Paspalum* spp. NO ÂMBITO DOS CERRADOS

RESUMO - No Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados (CPAC – EMBRAPA Cerrados), localizado em Planaltina-DF – Brasil (15°35'30" de latitude Sul, 47°42'30" de longitude Oeste e 1.000 m de altitude), foram avaliados 89 genótipos de *Paspalum* spp. com o objetivo de selecionar aqueles promissores, com atributos forrageiros para uso na Região dos Cerrados. Os genótipos foram cultivados num Latossolo Vermelho distrófico sob duas condições de fertilidade inicial do solo (menor e maior) proporcionadas por duas estratégias de calagem e adubação. As unidades experimentais consistiram de linhas de 5,0 m, espaçadas de 1,5 m, dispostas num delineamento em blocos completos casualizados com duas repetições dos genótipos para cada condição de fertilidade inicial. Na primeira fase do experimento, avaliou-se a capacidade de estabelecimento, a produção de forragem em duas estações chuvosas e duas estações secas, a capacidade de rebrota na estação chuvosa e os teores de proteína bruta (PB) e a digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS) da forragem. Na segunda fase do experimento, foram determinados os limites de fases fenológicas reprodutivas e a produção de sementes em 41 genótipos de *Paspalum* spp. que persistiram. Todos os genótipos foram avaliados quanto à adaptabilidade e à estabilidade para a produção de forragem. Foram utilizadas como testemunhas cultivares e genótipos superiores de *Panicum maximum*, *Andropogon gayanus* e *Brachiaria brizantha*. As variáveis resposta foram submetidas à análise de variância multivariada e univariada, assim como à análise de componentes principais e à análise de agrupamentos. Verificou-se que a coleção de genótipos de *Paspalum* spp. apresentou variabilidade fenotípica passível de seleção para atributos

relacionados ao estabelecimento de pastagens, à produção e ao valor nutritivo da forragem, à produção de sementes e à fenologia reprodutiva, bem como para a resposta à condição de fertilidade. A condição de fertilidade inicial do solo interagiu com os genótipos e afetou o estabelecimento, a produção de forragem na estação chuvosa e a quantidade e a participação das frações verde e seca na forragem acumulada na estação seca. Os genótipos de *Paspalum* spp. desta coleção apresentaram, em média, menor produção de forragem, menor teor de PB e menor DIVMS da forragem do que os genótipos testemunhas. Na condição de menor fertilidade inicial do solo, os genótipos de *Paspalum* spp. com desempenho superior para a produção de forragem e para os indicadores do valor nutritivo da forragem foram BRA-003824, BRA-005819, BRA-006572, BRA-009415, BRA-009610 (*Paspalum atratum* cv. Pojuca), BRA-010537, BRA-014851, BRA-018996. Para a condição de maior fertilidade inicial do solo foram os genótipos BRA-003824, BRA-005819, BRA-006572, BRA-009415, BRA-009610 (*P. atratum* cv. Pojuca), BRA-010537, BRA-012483, BRA-012645A, BRA-013927, BRA-014851, BRA-018996 e V-11802/1 e V-11843. A análise do local de origem e do comportamento produtivo dos genótipos que não sobreviveram ao período experimental sugeriu que novas introduções e/ou coletas de germoplasma para uso forrageiro na Região dos Cerrados sejam reorientadas segundo o local de coleta, o grupo botânico e/ou a espécie de *Paspalum*. A análise de componentes principais indicou que mais de 80% da variabilidade fenotípica desta coleção, poderia ser expressada em três ou quatro componentes principais. O comportamento reprodutivo tardio e a menor duração do período de colheita de sementes predominaram nos genótipos apontados como promissores. Os genótipos mais produtivos apresentaram altas taxas de variação na produção de forragem em resposta às variações das condições do ambiente, o que dificultou a compatibilização entre a adaptação e a estabilidade para a produção de forragem. A pressão de seleção foi efetiva na avaliação inicial do germoplasma da coleção, mas não apontou a superação do desempenho agrônomo de cultivares com recomendação de uso na região dos Cerrados.

AGRONOMIC EVALUATION OF *Paspalum* spp. GENOTYPES IN THE CERRADO ECOSYSTEM

ABSTRACT - The forage attributes of 89 *Paspalum* spp. genotypes were evaluated at EMBRAPA Cerrados (EMBRAPA-CPAC), located in Planaltina-DF - Brazil (15°35'30 " of South latitude, and 47°42'30" of West longitude, and altitude of 1,000 m) for initial selection aiming their use in the Cerrado ecosystem. The genotypes were cultivated in a Typical Haplustox Oxisol under two initial soil condition fertility (lower and higher). The experimental units consisted of single lines of 5.0 m, spaced of 1.5 m, in a complete randomized block design, with two replications for each initial fertility condition. In the first phase of the experiment, the establishment capacity, the forage yield in two rainy seasons and in two dry seasons, the early regrowth capacity in the rainy season, and the forage crude protein (CP) content and *in vitro* dry matter digestibility (IVDMD) were evaluated. In the second phase of the experiment, the limits of reproductive phenological phases and seed yield of 41 genotype-survivors of *Paspalum* spp. were defined. The genotypes were submitted to the adaptability and stability analysis for forage production. In both phases of the experiment, control genotypes of the genus *Panicum*, *Andropogon*, and *Brachiaria* recommended for the Cerrado ecosystem were used. The variables were submitted to the multivariate and univariate analysis of variance, as well as to principal component analysis and hierarchical cluster analysis (average method or UPGMA). The collection of *Paspalum* spp. showed phenotypic variability for forage yield and seed yield attributes, as well as phenological patterns and response to the soil fertility condition. The initial soil condition fertility interacted with the genotypes and it affected the establishment,

the forage production in the rainy season, and the green and dry tissue amounts and their participation in the forage accumulated in the dry season. In general, the *Paspalum* spp. genotypes showed lower forage yield, lower CP content, and lower IVDMD than the reference genotypes. The phenotypic variability of the collection allowed to select higher performance *Paspalum* spp. genotypes for the two soil fertility conditions (lower and higher). The outstanding *Paspalum* spp. genotypes concerning forage yield and nutritive value in the lower soil condition fertility were BRA-003824, BRA-005819, BRA-006572, BRA-009415, BRA-009610 (*Paspalum atratum* cv. Pojuca), BRA-010537, BRA-014851, and BRA-018996. In the higher soil condition fertility the best genotypes were BRA-003824, BRA-005819, BRA-006572, BRA-009415, BRA-009610 (*P. atratum* cv. Pojuca), BRA-010537, BRA-012483, BRA-012645A, BRA-013927, BRA-014851, BRA-018996 and V-11802/1 and V-11843. The analysis of the site of origin and the forage yield performance of the non-survivors genotypes, indicated that access introductions and/or germplasm collections for forage evaluation and selection in the Cerrado ecosystem should be reoriented considering the site of origin, and botanical group and/or species. Principal component analysis pointed out that more than 80% of the phenotypic variability of the collection was accounted could be expressed by three or four principal components. A late reproductive behavior and short seed harvest period prevailed in the promising genotypes. In general, the higher forage yield genotypes showed higher change rate in the forage yield in response to environmental conditions, and it was not possible to joint adaptability with stability of forage yield. The selection pressure was effective in the initial evaluation of the germplasm collection, but it did not allow to overcome the agronomic performance of the cultivars recommended to Cerrado ecosystem.

1. INTRODUÇÃO

A pecuária nacional está baseada predominantemente na exploração de pastagens cultivadas, sendo a Região dos Cerrados detentora das maiores extensões com esse tipo de cobertura vegetal e, conseqüentemente, do maior efetivo de bovinos. Nesse cenário, prevalecem as gramíneas forrageiras de origem africana que se destacam pela expressão do mérito agrônômico e pela versátil adequação aos sistemas de produção animal vigentes, favorecidas ainda pela oferta massiva de sementes. A prevalência destas gramíneas e a evidência de seus atributos refletem o acúmulo de conhecimento técnico decorrente da ação preferencial das instituições nacionais de pesquisa, centrada em grandes coleções de genótipos de gramíneas africanas, relegando a segundo plano os recursos genéticos nativos.

A seleção e a utilização de germoplasma forrageiro oriundo do continente africano para a formação de pastagens do Brasil representou um marco para a pecuária. Este fato redefiniu o perfil e os domínios das pastagens cultivadas, que permanecerão por muito tempo como padrão para as regiões pastoris do País, em decorrência dos programas de seleção e melhoramento em andamento (Valle & Miles, 1994; Jank, 1995; Vale, 2001). Todavia, essa realidade, com baixa diversidade de espécies e genótipos de gramíneas cobrindo grandes extensões territoriais e a prevalência da reprodução pela via apomítica ou por propagação

vegetativa, configura e expõe um quadro de grande vulnerabilidade destas pastagens às pressões bióticas latentes ou ainda desconhecidas. Além disso, mesmo dentro de uma macrorregião, as áreas pastoris abrangem uma grande diversidade de sistemas de produção e de manejo cuja evolução tecnológica passa pela especialização e eficiência na utilização dos recursos produtivos, aí incluindo-se a planta forrageira.

No âmbito dos recursos forrageiros, a principal alternativa para atendimento de uma demanda cada vez mais crescente e segmentada é a ampliação da diversidade genética no germoplasma comercial. O grande interesse dos pecuaristas por novos cultivares, a intensa degradação das pastagens e, mais recentemente, a suposta superação da resistência a pragas e o colapso de pastagens nas Regiões Norte e Centro-Oeste do Brasil reiteram e suscitam esta necessidade. Nesse contexto, o gênero *Paspalum* L. reúne o maior número de espécies de gramíneas da América do Sul com potencial para utilização como recurso forrageiro (Valls, 1992). Todavia, apenas recentemente foi possível ampliar e disponibilizar em coleções a base genética de *Paspalum*, graças aos esforços das Instituições nacionais de pesquisa, com destaque para a EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN - Centro Nacional de Pesquisas em Recursos Genéticos e Biotecnologia). Os esforços permitiram a conservação e, sobretudo, a ampliação do trabalho de introdução e avaliação de *Paspalum* spp. como recurso genético forrageiro em programas de seleção e melhoramento em várias regiões. Assim, buscou-se identificar genótipos superiores que pudessem contribuir para maior produtividade das pastagens, atenuando problemas como a baixa diversificação das pastagens, a estacionalidade da produção de forragem e a baixa tolerância ao frio, à geada e à seca, entre outros. Neste sentido, grandes coleções de *Paspalum* spp. foram transferidas para a EMBRAPA Cerrados (CPAC - Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados) e EMBRAPA Pecuária Sudeste (CPPSE - Centro de Pesquisa em Pecuária do Sudeste), cujas introduções alavancaram o processo de avaliação desse gênero em várias condições ecológicas.

No âmbito dos Cerrados, o registro de resultados promissores com *Paspalum* spp., quando a base genética era ainda limitada, foram determinantes para que o processo de introdução, avaliação e seleção pudesse se estender a outras coleções (França-Dantas et al., 1987; Pizarro & Carvalho, 1992). Do trabalho pioneiro com *Paspalum* spp., a EMBRAPA Cerrados pré-selecionou genótipos que após vários anos de avaliação permitiram identificar o *Paspalum atratum* Swallen (genótipo BRA-009610), nativo do município de Terenos – MS, para fins de lançamento como cultivar Pojuca (EMBRAPA Cerrados, 2001). A mesma perspectiva abre-se para as coleções, com maior número de acessos, introduzidas na EMBRAPA Cerrados e EMBRAPA Pecuária Sudeste desde 1990. A avaliação por instituições internacionais de coleções ou subcoleções de *Paspalum* spp. com genótipos nativos da flora sul-americana, reiteram esta possibilidade, pois lançamentos de cultivares de *Paspalum atratum* Swallen ocorreram nos Estados Unidos (Kalmbacher et al., 1997a), no Sudeste da Ásia (Hare et al., 1997), na Austrália e na Argentina (Urbani & Quarín, 1997), ampliando as opções de cultivares dentro do gênero, onde anteriormente predominavam os cultivares de *Paspalum notatum* Flügge.

Num programa de seleção de plantas forrageiras é necessária a reunião de um grande número de genótipos que apresentem variabilidade para as características de interesse. Por explorar diretamente a variabilidade genética original, a seleção de genótipos tem sido a via mais rápida para a obtenção de cultivares. Todavia, mesmo com essa estratégia, o processo é considerado longo, com vários estágios ou etapas.

Comumente preconiza-se que na etapa inicial da avaliação dos genótipos a ênfase recaia sobre a caracterização e a análise da adaptação ou sobrevivência ao clima, ao solo e às pressões bióticas (Toledo, 1982; Schultze-Kraft & tMannetje, 2000), enquanto que nos estágios subsequentes são avaliadas as características agrônômicas diretamente ligadas à produção de forragem e à produção animal. Como alternativa ao longo período de tempo consumido nesse processo, pode-se ampliar o número e a duração das avaliações numa dada

etapa preliminar ou anterior, com a fusão ou a supressão de uma outra subsequente, prevista no programa de seleção de genótipos. Para tanto, o ideal é que a coleção seja avaliada em local representativo das condições do ecossistema alvo da pesquisa e seja retratada a sua adaptação, capacidade produtiva e valor alimentício.

Na Região dos Cerrados, a expressão dos atributos agrônômicos está sob forte influência restritiva das características edáficas das classes de solos predominantes (Oxissolos e Ultissolos), as quais são passíveis de intervenção nos componentes da fertilidade através das práticas de calagem e de adubação. A partir do conhecimento do comportamento dos genótipos em diferentes condições de fertilidade do solo ou ambientais, torna-se possível inferir sobre a capacidade de adaptação, produção e a elasticidade da resposta produtiva das forrageiras, propiciando a eficaz exploração da interação genótipo - ambiente. Além disso, as condições artificiais de fertilidade equivalem à ampliação do número de ambientes a que os genótipos são expostos, ou seja, contempla-se parte das variações existentes dentro de um macroambiente ou ecossistema, reduzindo o número de ensaios multilocacionais.

A avaliação de diversas variáveis associadas a um grande número de genótipos, em várias condições de ambiente e por um período de tempo, gera um conjunto de informações cuja análise interpretativa torna-se complexa. Para esta situação, típica das avaliações de grandes coleções, a utilização de métodos estatísticos multivariados constitui ferramenta oportuna para a consolidação das informações necessárias para a tomada de decisão acerca dos genótipos que seguirão num programa de seleção e/ou melhoramento.

Este trabalho teve o objetivo de avaliar uma coleção com 89 genótipos de gramíneas do gênero *Paspalum* L., introduzida nas condições ecológicas do Cerrado do Distrito Federal, em duas condições de fertilidade do solo, buscando selecionar genótipos superiores para etapas subsequentes do programa de seleção de cultivares para formação de pastagens na Região dos Cerrados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. O gênero *Paspalum* L.

2.1.1. Origem, dispersão e diversidade genética disponível no Brasil

O gênero *Paspalum* L. é nativo do continente americano, havendo estimativa da ocorrência de cerca de 400 espécies na faixa tropical e subtropical (Pizarro, 2000). Martínez et al. (1985) citaram estimativas da ocorrência de mais de 200 espécies na América tropical. No Brasil, cerca de 220 espécies são atribuídas ao gênero *Paspalum* L. (Valls & Coradin, 1986) cuja ocorrência é comum a várias regiões e ecossistemas do país, ocupando quase sempre lugar de destaque na composição florística do estrato herbáceo e como recurso forrageiro nativo, principalmente na Região Sul e no Pantanal Matogrossense (Allem & Valls, 1987; Pott, 1988; Valls, 1992; Maraschin, 2001).

Acredita-se que mais da metade das espécies de *Paspalum* spp. que ocorrem no Brasil esteja reunida na coleção da EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia (EMBRAPA-CENARGEN) (Valls & Coradin, 1986). Nessa coleção há genótipos das cinco Regiões do Brasil, prevalecendo aqueles provenientes das Regiões Sul e Centro-Oeste (Valls & Pozzobon, 1987) por conta do

direcionamento e concentração das expedições de coleta num esforço institucional recente (Valls, 1992). Cerca de 1.000 acessos de *Paspalum* spp. foram coletados entre os anos de 1983 e 1989 em coletas específicas para o gênero, que juntamente com outros acessos provenientes da Região Norte do Brasil, do exterior e de expedições de coleta para outras espécies, perfaziam 1.580 acessos. Portanto, representando variabilidade genética em potencial a ser explorada num gênero (*Paspalum*) capaz de reunir o maior número de espécies nativas da flora brasileira com potencial forrageiro (Valls, 1992), dentre os 150 gêneros de gramíneas que devem existir no Brasil (Valls, 1994). Tomando como base o número de registro no cadastro do sistema nacional de pesquisa agropecuária (Nº BRA), atualmente mais de 1.900 acessos comporiam esta coleção. Para grande parte desses acessos coletados não há a definição da espécie, sendo os mesmos denominados apenas por *Paspalum* sp., porém classificados em grupos botânicos, demonstrando o pouco conhecimento taxonômico por se tratar de um gênero cujo esforço para coleta é recente (Valls & Pozzobon, 1987).

As ações de coleta concentraram-se nas espécies do gênero *Paspalum* das regiões Sul, pelo interesse principal e inicial em espécies adaptadas às condições da região subtropical do país (Valls, 1992), e Centro-Oeste do Brasil, pela abundância do gênero no pantanal do Estado do Mato Grosso (Allem & Valls, 1987). Além disso, as primeiras introduções provenientes do Estado do Mato Grosso, ao serem avaliadas numa área de várzea na EMBRAPA Cerrados (CPAC - Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados), apresentaram comportamento promissor (França-Dantas et al., 1987), em especial os genótipos do grupo Plicatula. Novos registros de resultados positivos com novas introduções provenientes do Pantanal motivaram a incorporação de mais acessos e o envolvimento de instituições do Brasil com pesquisa em pastagens voltada para a faixa tropical (Valls, 1992).

Os resultados das investigações iniciais para o gênero levaram ao direcionamento das transferências do germoplasma de *Paspalum* spp.. Nas

Instituições que atualmente têm o trabalho de avaliação mais ativo e voltado para a área tropical (EMBRAPA Pecuária Sudeste e EMBRAPA Cerrados), foi dada ênfase às introduções (acessos) dos grupos botânicos *Plicatula* e *Virgata*, sendo que os acessos do grupo botânico *Plicatula* têm maior abrangência geográfica na coleção de base (Valls, 1992). Outras equipes nos Estados de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul têm avaliado coleções de genótipos de *Paspalum* spp. com espécies de outros grupos botânicos.

2.1.2. Uso atual e potencial

As espécies de *Paspalum* têm o seu aproveitamento predominantemente na condição de componentes de pastagens nativas tanto no Brasil (Allem & Valls, 1987; Valls, 1992; Maraschin, 2001) como noutros países, principalmente na faixa subtropical, pela tolerância a baixas temperaturas (Skerman & Riveros, 1992). Algumas espécies encontram-se naturalizadas em países de outros continentes (Pizarro, 2000)

Há maior contingente de espécies com cultivares lançados para as condições de clima subtropical, destacando-se as espécies *Paspalum notatum* Flügge, com os cultivares Pensacola, Bahiagrass comum, Tifton-9 Pensacola, Argentine, Paraguay, Paraguai 22 e Wilmington lançados nos Estados Unidos (Chambliss, 2000), e *Paspalum plicatulum* Michx., com os cultivares Bryan, Rodd's Bay e Hartley lançados na Austrália (Oram, 1990). Fazendo um apanhado das citações de vários autores (Martínez et al., 1985; Oram, 1990; Skerman & Riveros, 1992; Pizarro, 2000), pouco mais de 20 cultivares das espécies *Paspalum plicatulum*, *P. notatum*, *P. dilatatum*, *P. nicorae*, *P. atratum*, *P. wettsteinii* e *Paspalum commersonii* foram mencionados, quase todos com origem ou derivação do continente americano. Muitos desses genótipos, comercialmente têm pouca expressão pela baixa oferta de sementes (Pizarro, 2000).

Para a faixa tropical é bastante reduzido o germoplasma comercial disponível, mesmo entre os cultivares lançados na Austrália e nos Estados Unidos. Em geral, foram lançamentos para a faixa subtropical que tiveram alguma expansão para a faixa tropical, com destaque para as espécies *P.notatum* e *P.plicatulum*. No Brasil, o *P.notatum* var. *saurae* cv. Pensacola é cultivado na Região Sul (Maraschin, 2001) e na faixa tropical a mais antiga referência é a grama-batatais (*P.notatum*), com seus ecotipos, que não teve lançamento formal e tem baixa participação nas áreas de pastagens, estando restrita a áreas marginais para a produção de forragem. Recentemente, no Estado de São Paulo, *P.notatum* cv. Tifton-9 Pensacola foi introduzido na Região de Araçatuba, tendo demonstrado adaptação, produção de forragem e desempenho animal satisfatórios (Soares Filho & Rodrigues, 1999).

A baixa disponibilidade de cultivares pertencentes ao gênero *Paspalum* e a necessidade de ampliar a oferta de cultivares voltados para a faixa tropical revestem-se de importância pela atual dependência de uma estreita base genética de origem africana a que estão submetidas as pastagens exploradas nos Cerrados e demais regiões do Brasil, agravada pelo predomínio da reprodução apomítica que confere homogeneidade genética aos cultivares. A uniformidade observada nas plantas de um cultivar favorecem ao manejo e asseguram maior estabilidade e previsibilidade da resposta produtiva, o que é desejável. No entanto, expõe potencialmente grandes extensões de pastagens a riscos decorrentes de pragas e patógenos desconhecidos (latentes ou não) aos quais os genótipos não foram expostos nas fases de seleção ou de melhoramento porque, na maioria das vezes, a adoção de um cultivar se estende além dos limites definidos pela pesquisa (Valle, 2001). Todavia, este não é um cenário exclusivo do Brasil. Apesar do elevado número de espécies de gramíneas (10.000 distribuídas em 620 gêneros), na década de 60 as pastagens cultivadas no mundo eram constituídas quase que totalmente por 40 espécies, sendo que nas regiões tropicais e subtropicais predominavam 15 espécies (Rodrigues, 1986; Rocha, 1991). Mais recentemente, com a ampliação da demanda por genótipos e o maior

conhecimento dos recursos genéticos disponíveis, cerca de 100 espécies eram utilizadas ou foram relatadas, pelo potencial agrônomo, como promissoras para a formação de pastagens. Desse total, 45 espécies seriam para uso potencial nas condições tropicais e subtropicais (Rocha, 1991). Todavia, Santos Filho (1996) relatou que no Brasil cerca de 80% do mercado formal de sementes de forrageiras é dominado pelas gramíneas (apomíticas) do gênero *Brachiaria*, com a prevalência do cv. Marandu. Macedo (1995) projetou que apenas a *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk ocupava 55% das áreas com pastagens cultivadas no Cerrado, com as demais espécies de *Brachiaria* respondendo por mais 30% das áreas com pastagens cultivadas. Uma grande extensão coberta apenas por gramíneas de um gênero, sendo que mais da metade por uma gramínea susceptível à cigarrinha das pastagens.

O interesse recente pelo gênero *Paspalum* tem-se ampliado graças à variabilidade genética existente e disponibilizada para várias instituições de pesquisa e ao fomento de uma série de lançamentos ou pré-lançamentos para a faixa tropical que vêm ocorrendo em vários países, todos com base em genótipos da espécie *Paspalum atratum* Swallen coletados no Brasil que se destacaram por proporcionarem alta produção de forragem e/ou alta produção animal em áreas com drenagem adequada (Kalmbacher et al., 1997c) ou limitada (Barcellos et al., 1997). Nos Estados Unidos ocorreu o lançamento do cv. Suerte (Kalmbacher et al., 1997a), que foi lançado na Austrália com a denominação cv. Hi-gane. Na Tailândia, o genótipo BRA-009610 foi lançado como cv. Ubon (Hare et al., 1997) e na Argentina, para a Região Nordeste, foi lançado como cv. Cambá FCA (Urbani & Quarín, 1997). O cv. Ubon, também tem se destacado nas Filipinas e Indonésia. No Brasil, o genótipo BRA-009610 constituiu o primeiro lançamento oficial dentro do gênero *Paspalum* para a faixa tropical e recebeu a denominação de cv. Pojuca (EMBRAPA Cerrados, 2001), constituindo a mais nova opção de gramínea cespitosa para diversificação das pastagens em solos de baixa fertilidade ou com drenagem deficiente, sendo uma forte alternativa para as pastagens de *Brachiaria humidicola*.

Os lançamentos recentes de genótipos de *Paspalum atratum* ocorridos no exterior aconteceram antes do primeiro lançamento ocorrido no Brasil por conta da rápida articulação de equipes que apostaram no potencial da espécie, lançando mão de informações preliminares disponíveis sobre genótipos que se destacaram nos programas de seleção do Brasil.

Existem muitos atributos e justificativas técnicas e ambientais para a avaliação e para o uso de genótipos de *Paspalum* spp. em pastagens no trópico brasileiro. Quando considerados em conjunto, a grande variabilidade em potencial existente na coleção de base, passível de exploração de forma mais rápida através da seleção, a alta produção de forragem e de sementes já registrada nas espécies cespitosas, a facilidade de estabelecimento e de erradicação, a adaptação ao clima seco e a solos bem ou mal drenados, o apelo ecológico por ser nativo, a necessidade de diversificação das pastagens para gêneros e não somente genótipos dentro de um gênero ou espécie, os registros de consorciações estáveis e produtivas, a resistência à espécie de cigarrinha das pastagens, a existência de mercado potencial de sementes noutros continentes e a tendência para a fragmentação ou segmentação da demanda por genótipos se traduzem num forte apelo favorável ao gênero *Paspalum*. Todavia, a existência de programas de seleção e melhoramento mais antigos e com base em gêneros indicados como mais prioritários, altamente produtivos, adaptados, com grande aceitação entre os produtores, com uma indústria de sementes já estabelecida, equipes de pesquisa pequenas ou desfalcadas e a escassez de recursos financeiros têm afetado as avaliações do gênero *Paspalum*, necessárias para a ocupação de lugar de destaque no cenário agrostológico nacional. Além disso, conforme sugeriu Rocha (1991), em geral, os genótipos nativos do continente americano apresentam-se menos produtivos que aqueles exóticos, pois na sua evolução foram expostos a menor pressão de seleção por grandes herbívoros.

Novos lançamentos de cultivares de *Paspalum* spp. poderão ocorrer a médio e longo prazo, uma vez que sucessivas introduções e avaliações ocorreram tanto na EMBRAPA Pecuária Sudeste (CPPSE) e na EMBRAPA Cerrados

(CPAC) com a identificação de subcoleções para provas agronômicas mais avançadas. Nessas indicações, houve o predomínio de genótipos do grupo Plicatula, até porque participaram em maior número (Pizarro & Carvalho, 1992; Batista & Godoy, 1992a; Batista et al., 1994; Batista & Godoy, 2000).

2.2. Avaliação agronômica e seleção de forrageiras

O esforço para obtenção de cultivares tem início com a coleta ou intercâmbio de germoplasma, que após a introdução em coleções ativas desencadeia o processo sequencial de avaliação. As provas agronômicas concentram-se nos estágios iniciais do programa de avaliação, podendo ou não haver a desejável participação de animais.

Predominantemente, os cultivares de forrageiras tropicais do Brasil foram obtidos por processo de seleção em coleções introduzidas de grandes bancos de germoplasma constituídos por meio de coletas e intercâmbio. O processo de seleção prevalece por ser a via mais rápida para este propósito, especialmente para espécies de exploração recente ou cuja variabilidade genética não é totalmente conhecida ou que apresentam características desejáveis que sejam de ocorrência frequente. Apesar do processo ser mais rápido com a seleção, inúmeras dificuldades existem na avaliação e definição do mérito em plantas forrageiras. Nessa busca, Miles & Valle (1994) apontaram como complicadores o uso dos genótipos em áreas marginais, nas quais poucos genótipos se sobressaem, o fato do verdadeiro valor forrageiro ser expresso como produto animal, implicando custo e tempo de avaliação, a necessidade de persistir e a possibilidade de diversos usos para o germoplasma, demandando abrangência no processo de seleção.

Como premissas básicas para o êxito na seleção de germoplasma forrageiro, Paladines (s.d.) apontou a existência de variabilidade genética para as características desejadas (denominada premissa *número*), a pressão de seleção

compatível com os interesses de curto ou longo prazo, que define as variantes nas estratégias e provas de seleção (premissa *pressão de seleção*), e por fim a velocidade de tráfego do germoplasma e da informação gerada nas diferentes provas, com o envolvimento do corpo técnico (premissa *pressão pessoal*). As avaliações efetuadas nas coleções de *Paspalum* spp. no Cerrado atenderam às duas primeiras premissas, enquanto que a última premissa foi contemplada parcialmente, por conta de desfalques ou desmontes unilaterais de equipes conveniadas.

A RIEPT (Red Internacional de Evaluación de Pastos Tropicales) procurou padronizar a estratégia de avaliação em etapas das coleções de forrageiras tropicais e dar maior fluxo de informação e de germoplasma (Toledo, 1982), permitindo ainda uma maior possibilidade para comparação de resultados nos ensaios em rede em vários locais ou ambientes e a construção de banco de dados acerca do comportamento dos genótipos sob avaliação. No entanto, os benefícios decorrentes dessa proposta ainda não puderam se estender ao gênero *Paspalum* por conta do interesse ser recente e pequeno número de ensaios em rede.

A estrutura de avaliações em etapas sequenciais (Toledo, 1982; Jones & Walker, 1983) é a adotada no Brasil no processo de seleção de germoplasma forrageiro para coleções monogênicas ou monoespecíficas, algumas vezes com variantes que incluem a fusão de estágios iniciais (Pizarro & Carvalho, 1992), como a etapa de campo de introdução ou banco ativo de germoplasma com a etapa de avaliação inicial sob regime de cortes, ou ainda a combinação de estágios mais avançados (Valle & Souza, 1995; Valle, 2001), em que são avaliados o efeito do animal sobre a pastagem e o efeito da pastagem sobre o animal (Barcellos et al., 1997). Nessas estratégias de fusão de etapas procura-se acelerar o fluxo do germoplasma, ocorrendo principalmente entre a fase de campo de introduções (foco na caracterização e multiplicação) e a fase de avaliação inicial (foco na adaptação ao clima e ao solo), em local representativo do

ecossistema alvo, com as variáveis consideradas de acordo com o propósito ou perspectiva de utilização dos genótipos (Schultze-Kraft & tMannetje, 2000).

2.3. Introdução e avaliação agronômica de *Paspalum* spp. no trópico brasileiro

2.3.1. Histórico das introduções no trópico brasileiro

As informações agronômicas acerca do comportamento de *Paspalum* spp. em pastagens cultivadas são escassas, quando comparadas com outras espécies forrageiras. Em maior número, os trabalhos científicos contemplam espécies e genótipos de *Paspalum* com uso preferencial nas regiões subtropicais ou como componente de pastagens nativas (Martínez et al., 1985; Pizarro 2000).

As primeiras indicações acerca do potencial de *Paspalum* spp. para uso em pastagens cultivadas na faixa tropical do Brasil provêm das observações e registros efetuados no Rio de Janeiro – RJ pelo pesquisador Jorge de Ramos Otero já no ano de 1937 (Valls, 1992). No entanto, os trabalhos de avaliação agronômica do germoplasma de *Paspalum* spp. com base em maiores coleções, para as condições tropicais, iniciaram-se na Região Norte do Brasil pela Faculdade de Ciências Agrárias do Pará (FCAP), face à demanda decorrente das limitações de desempenho das espécies exóticas na região. Após expedições de coleta na Região e seleção inicial, foram introduzidos 74 genótipos, sendo que apenas 25 foram avaliados quanto à produção de forragem, agressividade, profundidade do sistema radicular, vigor da rebrota após pastejo ou fogo, aceitabilidade por bovinos, tolerância à cigarrinha e composição química (Lima & Gondim, 1982). Deste trabalho foram selecionados os genótipos *Paspalum secans* FCAP-12 (BRA-003778), *Paspalum guenoarum* FCAP-43 (BRA-001635), *Paspalum plicatulum* FCAP-6 (BRA-004375) e *Paspalum coryphaeum* FCAP-8 (BRA-003760) que passaram a ser avaliados em propriedades da região.

A coleção existente na FCAP foi transferida para a EMBRAPA Trópico Úmido (CPATU - Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Úmido) e avaliada em parte pela EMBRAPA Cerrados em Planaltina – DF numa área de várzea (França-Dantas et al., 1987). Os primeiros resultados foram promissores e a transferência de genótipos da EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN) provenientes de coletas no Estado do Mato Grosso, também avaliados num solo de várzea, ampliou a indicação acerca do potencial do gênero e das espécies do grupo botânico Plicatula. Com isso, houve a sinalização para a expansão do trabalho de coleta no Centro-Oeste (Mato Grosso principalmente) e o direcionamento das transferências de genótipos do Grupo Plicatula e Virgata para avaliação agrônômica preferencial no âmbito dos Cerrados (Valls, 1992). À medida que as coletas específicas ampliavam a base genética para o gênero, ocorriam as transferências e introduções na EMBRAPA Cerrados para fins de multiplicação e avaliação. Todavia, o ritmo das avaliações não acompanhou o ritmo das coletas, dado o tempo consumido para a completa avaliação das coleções.

Até o ano de 1985 foram introduzidos 73 acessos de *Paspalum* spp. na EMBRAPA Cerrados, entre 1986 e 1989 foram introduzidos 30 acessos, e entre 1990 e 1995 foram introduzidos 189 acessos, perfazendo 292 acessos que representaram 33,6% dos acessos de gramíneas introduzidos na EMBRAPA Cerrados no período entre os anos de 1974 e 1995, com participação inferior apenas à registrada por *Brachiaria* spp. (40%) (Karia & Andrade, 1996). Todavia, foram efetivamente avaliados 37 genótipos num solo de várzea (glei pouco húmico) no período entre 1985 e 1988, cuja avaliação em parcelas maiores ocorreu apenas em 13 genótipos. No período entre 1989 e 1991 foram avaliados 42 genótipos numa área com solo de boa drenagem (Latosolo Vermelho) em duas condições de fertilidade (Pizarro & Carvalho, 1992). Nesse período, o *Paspalum atratum* cv. Pojuca despontou como promissor na coleção com 30 genótipos introduzida em 1986 na EMBRAPA Cerrados. A diferença entre o número de genótipos introduzidos e o número de genótipos avaliados sob cortes

existe porque não foram considerados os genótipos avaliados antes de 1985, a mortalidade na fase de banco ativo de germoplasma ou campo de introduções, bem como os genótipos (89) que compuseram este trabalho de tese.

Considerando o universo de no mínimo 1.900 genótipos existentes na coleção de *Paspalum* spp., as introduções efetuadas na EMBRAPA Cerrados representaram apenas 15% do total de genótipos disponíveis, que certamente não serão transferidos em sua totalidade para a avaliação no âmbito dos Cerrados, mas abre a perspectiva para futuras introduções e novas oportunidades de seleção. A título de referência, a grande coleção de *Brachiaria* spp. introduzida na EMBRAPA Cerrados no período entre 1986 e 1989, somente nos próximos dois anos terá a sua avaliação culminando com lançamento de cultivares após um ciclo de seleção de mais de 10 anos. O maior contingente (189) de genótipos de *Paspalum* spp. introduzidos na EMBRAPA Cerrados entre 1990 e 1995 não abre essa perspectiva de curto prazo pois ainda não foram estabelecidos ensaios regionais.

Na EMBRAPA Pecuária Sudeste o perfil das introduções de *Paspalum* spp. parece ter sido semelhante ao da EMBRAPA Cerrados, com predomínio do grupo Plicatula que reúne espécies de hábito de crescimento cespitoso e de porte alto como o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e o *Paspalum atratum* cv. Suerte. Há o registro do trabalho de avaliação agrônômica abrangendo 215 acessos, com mais de 70% do grupo Plicatula e 42,3% com origem no Estado do Rio Grande do Sul (Batista & Godoy, 2000). Todavia, apesar do menor número de genótipos, as avaliações agrônômicas foram acompanhadas de um minucioso trabalho de caracterização morfológica (Batista & Godoy, 1992a; Strapasson et al., 2000; Regitano Neto & Batista, 2001).

As coleções existentes na Região Norte foram incorporadas à existente na EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia (Valls, 1992). No entanto, genótipos que se destacaram naquela e em outras regiões do país foram introduzidos e avaliados em Rondônia onde além da produção de forragem em patamares compatíveis com as condições ambientais locais, apresentaram alta

resistência à cigarrinha das pastagens em experimentos específicos para este fim (Oliveira et al. 1984; Oliveira & Alves, 1988; Costa et al., 1989a,b).

Em Nova Odessa-SP, da coleção de *Paspalum* spp. existente, destacou-se o *Paspalum coryphaeum* NO 174 (BRA-000841) pela adaptação fenotípica e tolerância à geada, cuja origem é o Estado do Mato Grosso (Rocha, 1991) e pertence ao grupo botânico Quadrifaria.

Com genótipos pré-selecionados (em geral < 10 genótipos) em provas agronômicas na EMBRAPA Cerrados e noutros centros de pesquisa que detêm grandes coleções, inúmeras pequenas introduções foram efetuadas e os genótipos avaliados nos Estados de Rondônia, Acre e Amapá, onde a problemática associada à cigarrinha das pastagens é recorrente. Todavia, o avanço nas avaliações com esses genótipos visando a obtenção de cultivares está na dependência dos mesmos se destacarem noutros locais para que possa se viabilizar um lançamento com maior demanda e oferta de sementes.

2.3.2. Avaliação agronômica no trópico brasileiro

2.3.2.A. Fase de estabelecimento

Na fase de estabelecimento comumente avalia-se a dinâmica da densidade de plantas e da cobertura do solo, para relacioná-los com a capacidade de colonização, a agressividade ou capacidade de competição e a susceptibilidade a pragas e doenças de solo. Essas variáveis acabam por definir o sucesso no estabelecimento, a utilização precoce da pastagem e a longevidade produtiva, uma vez que um estabelecimento fraco ou falho cria a oportunidade para colonização por invasoras, não favorece a conservação do solo e da água e favorece a instalação precoce do processo de degradação da pastagem.

Nesta fase, a condição de fertilidade deve ser a ideal para proporcionar vantagens para a planta forrageira que apresenta o sistema radicular ainda

reduzido e em desenvolvimento ou que mostra-se pouco adaptada às condições de solos ácidos e pobres em matéria orgânica, fósforo e bases trocáveis. Tanto que as recomendações de calagem e adubação para a fase de estabelecimento são mais altas do que aquelas para a fase de manutenção (Vilela et al., 1998, Werner, 1986) porque têm na maioria das vezes o caráter corretivo (sentido amplo) e por se tratar de cultura perene em que se explora o solo como reservatório de nutrientes por muito mais tempo.

Em experimento específico para avaliar o estabelecimento do *Paspalum atratum* cv. Pojuca, Kornelius (1994) comparou épocas, métodos e densidades de semeadura. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou cobertura do solo variando de 10 a 69% (média de métodos e épocas) quando transcorridas 12 semanas após a semeadura e utilizaram-se 2 e 16 kg/ha de sementes, respectivamente. A alta infestação da área experimental com invasoras e a adubação a lanço em área total afetaram o número de plantas, a cobertura do solo e a produção de forragem. Nas taxas de semeaduras mais realistas (4 a 8 kg/ha de sementes) a cobertura do solo situou-se próxima de 20%, um valor bastante baixo. A produção de forragem após 16 semanas foi muito baixa e situou-se pouco acima de 500 kg/ha no tratamento com resposta mais favorável.

Esse baixo desempenho apresentado por *Paspalum* spp. na fase de estabelecimento, indicou que a competição é crítica para o estabelecimento e que a adubação não assegura êxito se não for estratégica. No entanto, em *Paspalum* spp. a cobertura do solo em parcelas já estabelecidas é mais elevada e variável conforme o genótipo. No Estado do Acre, onde as condições climáticas são mais favoráveis que em Planaltina-DF, Carneiro et al. (1998) registraram médias variando de 64 a 81% num experimento com seis genótipos, incluído o *Paspalum atratum* cv. Pojuca (76%). Mesmo sob condição de sombreamento intenso, *Paspalum* spp. é capaz de apresentar elevada cobertura do solo, mas variável conforme a época do ano e o genótipo. Num seringal adulto do Estado de Rondônia, Costa et al. (1999) registraram cobertura do solo por *Paspalum* spp. variando de 45 a 90% na estação chuvosa (12 semanas de crescimento) e de 30

a 85% na estação seca (16 semanas de crescimento), com o *Paspalum atratum* cv. Pojuca sendo o destaque dentre quatro genótipos de *Paspalum* spp..

Em Planaltina-DF, Souza et al. (1992) obtiveram cobertura do solo variando de 30 a 68% na estação seca e de 51 a 95% na estação chuvosa em períodos de crescimento de 3 a 12 semanas para dois genótipos de *Paspalum* spp.. A média registrada pelas cinco gramíneas avaliadas variou de 30 a 54% e de 58 a 88% nas estações secas e chuvosas, respectivamente.

A produção de forragem na fase de estabelecimento também é bastante variável entre genótipos e condições de fertilidade. Pizarro & Carvalho (1992), para um longo período de 10 meses até a primeira avaliação, registraram produções variando de 0,4 a 4,4 t/ha de massa seca total da parte aérea (MST), com os genótipos que se destacaram produzindo acima de 2,0 t/ha de MST. Na Tailândia, o *Paspalum atratum* cv. Pojuca, localmente denominado *Paspalum atratum* cv. Ubon, produziu 4,3 (Local 1) e 4,7 t/ha (Local 2) de MST, sendo esta produção superior ou inferior à registrada por gramíneas de outras espécies, dependendo do local considerado (Local 1: 2,2 a 7,6 t/ha de MST; Local 2 : 2,9 a 5,3 t/ha de MST) (Hare et al., 1997).

2.3.2.B. Produção de forragem – anual e estacional

A produção de forragem, na condição de processo biológico dinâmico, decorre da interação entre o genótipo em uso e o ambiente, sendo marcante o efeito das condições climáticas sobre o crescimento e o desenvolvimento das plantas, cujo maior reflexo é observado na estacionalidade da produção de forragem. Na região dos Cerrados o efeito combinado da temperatura e do déficit hídrico é responsável pelas diferenças na produção de forragem nos períodos de máxima e de mínima precipitação pluvial.

A produção de forragem constitui na principal variável explorada nos programas de seleção. Além da produção anual, a produção de forragem na

época seca e sua participação na produção anual têm relevância haja vista ser quantitativa a primeira restrição enfrentada pelos rebanhos da região dos Cerrados. Pela abrangência dos domínios desse ecossistema, há grande diversidade de resposta na produção e na sua distribuição estacional, sendo de grande valia os registros dos ensaios regionais ou multilocacionais com genótipos comuns. Além das diferenças ecológicas entre locais, experimentalmente podem haver divergências metodológicas ligadas ao número e frequência das avaliações que interferem na comparação dos resultados.

No experimento em que o *Paspalum atratum* cv. Pojuca despontou como promissor dentre 15 gramíneas, a produção de massa seca (MST) foi de 26 t/ha na estação chuvosa num solo de várzea (Glei pouco húmico) (Pizarro & Carvalho, 1992). Dez genótipos de *Paspalum* spp. alcançaram produções variando de 17 a 29 t/ha de MST. Na estação seca (5-6 meses) a produção de MST variou de 0,5 a 2,3 t/ha, com apenas três genótipos com média superior a 2 t/ha. Nessa coleção ficou patente a elevada estacionalidade da produção de forragem, mesmo num solo em que o lençol freático abaixa mais lentamente na estação seca. O cultivar Pojuca produziu apenas 7% de sua produção anual na estação seca. As diferenças marcantes entre as produções de forragem na estação chuvosa e seca também indicam a adaptação à condição de umidade do solo elevada dos genótipos de *Paspalum* spp.. Esse comportamento produtivo estacional criou o estigma de que *Paspalum* spp. eram adequados apenas para áreas úmidas. Todavia, registros posteriores apontaram que a estacionalidade da produção de forragem no *Paspalum atratum* cv. Pojuca caracteriza-se pela concentração de 70 a 80% da produção anual ocorrendo na estação chuvosa (EMBRAPA Cerrados, 2001).

Pizarro & Carvalho (1992) também avaliaram 42 genótipos, num latossolo vermelho escuro bem drenado em duas condições de fertilidade inicial, as quais não influíram na produção de MST. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca foi o único genótipo comum ao experimento anterior em solo de várzea. Neste local, para 47 dias de crescimento no início da estação chuvosa (outubro a dezembro), a

forragem acumulada variou de 0,4 a 3,7 t/ha de MST (10 genótipos com média acima de 2 t/ha), com o *Paspalum atratum* cv. Pojuca (009610) produzindo 2,2 t/ha de MST. Na mesma estação de crescimento, a forragem acumulada entre dezembro de 1990 e abril de 1991 (5 meses) variou de 1,1 a 18,2 t/ha de MST (cinco genótipos com média acima de 15 t/ha e cv. Pojuca com 16,1 t/ha). Verificou-se que o ambiente edáfico (classe de solo e umidade) afetou a produção do *Paspalum atratum* cv. Pojuca na estação chuvosa. No solo glei pouco húmico a produção de MST foi de 26 t/ha na estação chuvosa, enquanto no latossolo vermelho escuro foi de aproximadamente 18,5 t/ha.

Além do solo, afetando a produção e a distribuição da forragem por causa de diferenças na fertilidade e na disponibilidade hídrica, o clima, com o seu regime hídrico e térmico, também altera substancialmente a produção e a distribuição da forragem produzida entre as estações. No trópico úmido brasileiro, Costa et al. (1999), numa condição de sombreamento em seringal, observaram que a pior distribuição da produção de forragem em quatro genótipos de *Paspalum* spp. foi caracterizada por ter 50 a 60% da produção anual ocorrendo na estação chuvosa, com uma distribuição da produção de forragem bem mais favorável que a registrada em Planaltina-DF. No Estado do Acre, Carneiro et al. (1998) registraram produções anuais variando de 11,0 a 15,1 t/ha de MST num experimento com seis genótipos com nove cortes ao ano. As produções de MST variaram de 5,2 (BRA-001449) a 6,8 t/ha (003913) na estação seca e de 5,7 a 8,3 t/ha na estação chuvosa, implicando distribuição da produção anual variando de 52 a 60% para a estação chuvosa, sendo este equilíbrio favorecido pelo regime hídrico.

O regime hídrico proporcionou respostas diferentes das observadas no Brasil quando o *Paspalum atratum* cv. Pojuca (=cv. Ubon) foi avaliado na Tailândia (Hare et al., 1997). A produção anual de forragem foi de 10,7 a 11,0 t/ha sendo que na estação considerada seca a produção foi de 6,3 a 6,6 t/ha, com mais de 50% da produção ocorrendo na seca.

Em Rondônia, Costa et al. (1997a) avaliaram nove genótipos de *Paspalum* spp. num Latossolo Amarelo, com a frequência de cortes das parcelas de 8 e 16 semanas na estação chuvosa e seca, respectivamente. A produção anual de MST variou de 22,2 (BRA-003824) a 35,7 t/ha (cv. Pojuca), ocorrendo de 21 a 28% do total anual na estação seca que possibilitou produções variando de 4,8 a 8,5 t/ha de MST. Os autores destacaram que nem sempre uma melhor distribuição das produções entre as estações está atrelada a maiores produções, como puderam verificar nos genótipos BRA-009661 e BRA-000159. Outra variável considerada pela equipe foi o vigor da rebrota (kg MST/21 dias) que variou entre os genótipos. Também pôde-se depreender que a ordenação dos genótipos de acordo com as médias para o vigor da rebrota, nem sempre coincidiu com a ordenação dos genótipos para as médias da produção de forragem na estação chuvosa ou na estação seca. Essa mesma coleção foi avaliada para fins de utilização da forragem acumulada quando diferida a partir de abril (Costa et al., 1997b). Ao final de setembro, após um longo período em crescimento livre em grande parte na estação seca, a forragem acumulada variou de 2,3 t/ha (BRA-003824) a 3,8 t/ha (cv. Pojuca). Quando comparados os resultados deste experimento com o anterior, verifica-se que o acúmulo de forragem ao final da seca foi inferior ao verificado quando adotados cortes a cada 16 semanas na estação seca (4,5 a 8,5 t/ha).

Em Ariquemes-RO (4 meses de seca; pluviometria >2.000 mm/ano), Costa et al. (1988) verificaram que os dois genótipos de *Paspalum* spp. com maior produção anual (7,6 e 8,2 t/ha de MS) em cinco cortes, apresentaram 63-68% da produção anual no período de máxima precipitação pluvial, enquanto que na *Brachiaria brizantha* cv. Marandu representou 69%. Em Porto Velho-RO, Costa et al. (1989a) registraram para os mesmos genótipos (*Paspalum guenoarum* FCAP-43; *Paspalum coryphaeum* FCAP-08 e cultivar Marandu) do experimento anterior, em seis cortes anuais, cerca de 60-62% do total produzido anualmente ocorrendo no período de máxima precipitação pluvial.

Num experimento com 10 cultivares de gramíneas dos gêneros *Chloris*, *Hemarthria*, *Cynodon* e *Paspalum* em Jay, no norte da Flórida - EUA, o *Paspalum atratum* cv. Suerte produziu 9,4 t/ha de MST (4 cortes/ano), sendo superado apenas pelo *P. notatum* cv. Tifton 18 bahiagrass (11,9 t/ha) (Kalmbacher et al., 1997a).

Em São Carlos-SP na EMBRAPA Pecuária Sudeste foram avaliadas diversas coleções buscando identificar genótipos superiores para uso em sistemas de produção animal da Região Sudeste. Foram avaliados inicialmente 46 genótipos de *Paspalum* spp. (Batista & Godoy, 1992b) com a produção acumulada nas quatro estações climáticas reunida em dois grandes períodos. No período de máxima precipitação pluvial foram somadas produções da primavera e do verão, e no período de mínima precipitação pluvial foram somadas as produções do outono e do inverno. A coleção, em média, produziu 11,2 t/ha/ano de MST (em quatro cortes), com 64% do total anual (2 cortes nas águas e 2 cortes na seca) ocorrendo no período de máxima precipitação pluvial. Entre os cinco genótipos mais produtivos, a produção anual de MST variou de 17,7 a 23,5 t/ha, com 62 a 73% deste total ocorrendo na estação chuvosa, apresentando uma produção na estação chuvosa variando de 11,5 a 17,1 t/ha de MST para os mesmos genótipos (Batista & Godoy, 2000).

A partir de novas introduções, Batista et al. (1994) avaliaram 102 genótipos no Estado de São Paulo. Entre os sete genótipos com maior produção de MST (13,8 a 21,5 t/ha), 52 a 74% da produção anual ocorreu no período das águas, implicando produções nas estações seca e chuvosa variando, respectivamente, de 5,0 a 6,7 t/ha de MST e de 7,1 a 14,5 t/ha de MST. Numa terceira introdução, a avaliação abrangeu 68 genótipos com os 10 genótipos com maior produção anual (19,4 a 37,4 t/ha de MST) apresentando distribuição de 54 a 75% do total anual ocorrendo na estação chuvosa (Batista & Godoy, 2000).

Da análise do comportamento das 205 introduções efetuadas na EMBRAPA Pecuária Sudeste, Batista & Godoy (2000) apontaram que maiores produções de forragem no período chuvoso estão associadas com maiores

produções anuais de forragem, e que a estabilidade produtiva entre as estações pode ser contemplada direcionando a seleção para elevar a correlação entre a produção anual da forragem e produção na estação seca. Nas coleções foram identificados genótipos com estabilidade produtiva entre as estações, no entanto a produções anuais de MST situaram-se bem abaixo das registradas pelas testemunhas de outros gêneros.

Do trabalho de avaliação agrônômica em vários locais da faixa tropical foram identificados genótipos superiores para diversos propósitos. Algumas das indicações são decorrentes de avaliações com genótipos pré-selecionados em ecossistemas de referência (Costa et al., 1997a; Costa et al., 1997b; Carneiro et al., 1998) e outros com base na introdução de grandes coleções (Pizarro & Carvalho, 1992; Batista & Godoy, 2000) que após o processo de seleção teriam seus genótipos com comportamento superior multiplicados e distribuídos para ensaios regionais em rede (Toledo, 1982).

Batista e Godoy (2000) identificaram 58 genótipos como promissores no universo de 205 genótipos introduzidos na EMBRAPA Pecuária Sudeste, considerando apenas como atributo a produção de forragem. Essa relação, após nova depuração com a incorporação de outras informações tenderá a diminuir para viabilização das avaliações subsequentes. Por sua vez, Pizarro & Carvalho (1992), a partir do universo de 79 genótipos de duas coleções introduzidas na EMBRAPA Cerrados, identificaram como promissores os genótipos BRA-003913, BRA-009415, BRA-009610, BRA-009652, BRA-009661, BRA-009687, BRA-010154, BRA-010537, BRA-011053, BRA-012912, BRA-012939 e BRA-013311. O genótipo BRA-009610, graças a esforços de várias instituições já se encontra na condição de cultivar no Brasil (cv. Pojuca) (EMBRAPA Cerrados, 2001), Argentina (cv. Cambá FCA) (Urbani & Quarín, 1997) e na Tailândia (cv. Ubon) (Hare et al., 1997).

2.3.2.C. Componentes da produção da forragem e valor nutritivo

O fracionamento da forragem acumulada em folha, colmo, material senescido e material verde pode descrever as alterações morfológicas e fisiológicas decorrentes do crescimento e do desenvolvimento da planta forrageira. Também presta-se para caracterizar parcialmente a estrutura da pastagem e o valor nutritivo da forragem tendo como base as diferenças na composição química e na digestibilidade inerentes às frações morfológicas e aos estágios de desenvolvimento dos tecidos nas plantas forrageiras tropicais. Além disso, as decisões de manejo, a eficiência no aproveitamento da forragem e a conversão em produto animal mantêm estreita relação com estes parâmetros.

Entre as frações da parte aérea, as folhas destacam-se por constituírem o aparato fotossintético e pela sua composição química e bromatológica, que respondem em maior proporção pela produtividade animal a partir do consumo preferencial ou seletivo pelos animais (Hacker & Minson, 1981). O consumo seletivo ou preferencial também ocorre em relação aos tecidos vivos da planta, que por sua composição química e digestibilidade, com maior participação das frações solúveis e menor lignificação dos tecidos, também favorecem ao desempenho animal.

A contribuição dos tecidos vivos assume maior importância na estação seca, onde os rigores do clima nas regiões tropicais leva os tecidos à dessecação e translocação das frações solúveis, diminuindo a qualidade da forragem. Além disso, a taxa de renovação dos tecidos é baixa ou nula reduzindo a oferta de forragem verde. O prolongamento da participação de tecidos vivos na forragem ofertada é desejável nas estratégias de manejo que envolvem diferimento da pastagem para uso na estação seca, principalmente em regiões em que o estresse ambiental não possibilita ou limita o crescimento das plantas na estação seca e fria, como na região dos Cerrados, ou em locais em que a conservação de forragem é uma estratégia de convivência com a seca bastante onerosa.

Nas condições tropicais, as informações acerca da produção de forragem nem sempre vêm acompanhadas da participação das frações que a compõem,

porque em grande parte o principal fator limitando o desempenho animal é a escassez de forragem, sendo que produção da parte aérea passa a ser o principal atributo da planta a ser avaliado. Essa realidade pode ser transposta para as etapas iniciais dos programas de seleção e avaliação de plantas forrageiras, pois o grande número de genótipos é um complicador para este detalhamento acerca da produção de forragem. Assim, o mais frequente é a atribuição de notas para definir ou caracterizar a condição de cada genótipo ao longo das estações (Toledo, 1982; Schultze-Kraft & 'tMannetje, 2000).

O valor nutritivo da planta forrageira é caracterizado pela sua composição química, pela sua digestibilidade e pelo consumo voluntário (Soest, 1982) e exprime a capacidade relativa da forragem em fornecer nutrientes aos animais. Essa informação é valiosa e discriminatória para o processo de seleção de plantas forrageiras. Novamente, dependendo do foco principal do processo de seleção e do número de genótipos avaliados, a caracterização do valor nutritivo dá-se com a adoção de poucos índices analíticos, quase sempre indiretos. As avaliações mais frequentes referem-se ao teor de proteína bruta (PB) e à digestibilidade "in vitro" da matéria seca (DIVMS) das plantas com uma dada idade cronológica e não fenológica. A primeira relaciona-se com a atividade microbiana no rúmen e com o suprimento direto ou indireto de proteína e a segunda relaciona-se com a possibilidade de aproveitamento dos nutrientes e com o consumo da forragem (Soest, 1982).

A comparação de resultados entre e (mesmo) dentro de um dado experimento é possível, porém passível de críticas. Segundo Boin (1986), o desejável, porém de difícil execução quando se avaliam vários genótipos, seria a avaliação da sua composição química quando as plantas apresentam a mesma massa de forragem e grau de desenvolvimento para que se possa elevar a possibilidade de comparação. Comumente ocorrem efeitos de diluição ou de concentração dos nutrientes. Além disso, a maior velocidade de crescimento ou o maior acúmulo de forragem na estação de crescimento implicam maior velocidade de deposição e maior quantidade de tecidos estruturais com decréscimos para o

valor nutritivo. A adubação poderá favorecer ou não o valor nutritivo dependendo da época e do período de crescimento considerado (Buxton & Fales, 1994).

Ao avaliarem 42 genótipos de *Paspalum* spp. no ambiente de Cerrado, em Planaltina-DF, Pizarro & Carvalho (1992) obtiveram para um período de crescimento de 122 dias, com início na estação chuvosa, uma relação (em massa seca) folha verde:talo verde variando de 10:1 a 0,55:1 (ou de 90,9% a 35,4% de folhas verdes), enquanto que a relação tecido vivo:material senescido variou de 2,9:1 a 0,04:1 (74% a 4% de tecido vivo). Para as duas relações estudadas, o *Paspalum atratum* cv. Pojuca não se destacou (Folha:Talo= 0,6:1 ou 38% de folhas; Vivo:senescido= 0,19:1 ou 16% de tecidos vivos) por conta do longo período de crescimento efetivo e rápido acúmulo de massa seca. Nesse mesmo experimento, a rebrota com 47 dias de crescimento no início da estação chuvosa apresentou DIVMS variando de 41 a 56%, com média de 49,4%. Os genótipos apontados como promissores apresentaram DIVMS abaixo de 51,0%. Por sua vez, o teor de PB na forragem variou de 8,4 a 13,7%, com média de 10,3%. Os genótipos promissores apresentaram teores de PB na forragem acima de 8,4%. A condição de fertilidade da área não afetou a DIVMS e nem os teores de PB na forragem.

Na Flórida, o *P. atratum* cv. Suerte apresentou decréscimos lineares nos teores de PB e na DIVMS com o aumento do intervalo entre cortes de 20 para 40 e 60 dias, quando avaliado em dois locais (Ona e Immokalee). Os teores de PB registrados foram em média 9,7% (20 dias), 8,2% (40 dias) e 5,2% (60 dias) e para a DIVMS foram 57,8% (20 dias), 55,2% (40 dias) e 52,0%, porém com influência da estação de crescimento considerada (Kalmbacher et al., 1997b). Noutro experimento, também em Ona, a resposta à adubação nitrogenada do cv. Suerte foi comparada com a do cv. Mott em três freqüências de corte (21, 42 e 63 dias). O valor nutritivo (PB e DIVMS) do cv. Mott foi superior ao do cv. Suerte que teve os teores de PB e a DIVMS diminuídos com a idade: PB - 7,3% (21 dias), 5,7% (42 dias) e 4,9% (63 dias); DIVMS - 57,7% (21 dias), 56,3% (42 dias) e 54,6%, (63 dias) (Kalmbacher et al., 1997a). No Brasil, em Planaltina-DF, Leite &

Fernandes (1999) obtiveram valores decrescentes para os teores de PB na forragem com o aumento da idade do *P. atratum* cv. Pojuca na estação chuvosa, com valores variando de 12,1% (14 dias) a 6,9% (56 dias). A DIVMS (62,3%) e os teores de fibra insolúvel em detergente neutro (61,7%), de fibra insolúvel em detergente ácido (33,3%), lignina (4,1%) e celulose (23,9%) não apresentaram variação significativa com as idades de corte. Estes resultados (Brasil e EUA) apontam que nesta espécie as alterações no valor nutritivo são marcantes por conta da variação acentuada nos teores de PB.

A variação nos teores de PB no transcorrer da estação seca em genótipos de *Paspalum* spp. pode ser inferida a partir do trabalho de Costa et al. (1997b), em que a forragem foi diferida em 30 de abril e a utilização aconteceu nos meses de junho a setembro. Em média, os dez genótipos avaliados apresentaram 9,4% , 8,1%, 7,6% e 6,3% de PB na forragem que seria utilizada nos meses de junho, julho, agosto e setembro, respectivamente. Trata-se de pequena variação, provavelmente por conta do regime hídrico da região (Porto Velho-RO 2.000-2.500 mm/ano) que permite crescimento da forragem na época mais seca e/ou atenua a senescência dos tecidos. Para as médias das quatro épocas de utilização da forragem, os teores de PB na forragem diferida variaram de 6,4% para o genótipo BRA-008486 a 9,0% para o genótipo BRA-003913. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou em média 7,1% de PB na forragem diferida. A mesma coleção de genótipos apresentou teores médios de PB ao longo do ano variando de 7,1% (BRA-001490) a 10,0% (BRA-003824), com o *Paspalum atratum* cv. Pojuca tendo 7,9% de PB em sua forragem, quando colhida com 8 (estação chuvosa) ou 16 (estação seca) semanas de crescimento (Costa et al., 1997a).

2.3.2.D. Fenologia reprodutiva e produção de sementes

Informações sobre a fenologia das plantas forrageira auxiliam na definição da estratégia de manejo da pastagem e do pastejo, especialmente por ocasião da fase reprodutiva que altera o ritmo de crescimento, a qualidade da forragem e a estrutura da pastagem, ou seja, a condição da pastagem altera-se. Além disso, o conhecimento da fenologia reprodutiva é útil no manejo da produção de sementes e pode orientar na seleção ou escolha de uma forrageira mais adequada para uma dada estratégia de manejo.

Dados fenológicos dos genótipos são obtidos na etapa inicial de avaliação das plantas forrageiras, quase sempre por ocasião da caracterização do germoplasma na fase de banco ativo germoplasma ou de campo de introduções, com as plantas em condições ideais e não submetidas a desfolhações.

Em geral, as forrageiras tropicais são plantas de dias curtos, mas há variações inter e intra-específicas quanto a esta caracterização, principalmente entre as gramíneas (Ison & Hopkinson, 1985) cujo comportamento por vezes é indefinido e influenciado pelas condições climáticas e/ou pelo grau de desenvolvimento do perfilho. Além disso, as forrageiras tropicais podem apresentar juvenildade que atrasa e afeta a produção de sementes no primeiro ano de cultivo (Humphreys & Riveros, 1986).

O conhecimento acerca da fenologia das espécies forrageiras foi bastante explorado nas leguminosas tropicais selecionadas para contribuir na composição da dieta animal na época seca, uma vez que a maior produção de forragem comestível na época seca estava associada com um comportamento reprodutivo mais tardio, ou seja, com um prolongamento do crescimento da estação chuvosa. No entanto, conforme a severidade da estação seca e sensibilidade dos genótipos, a produção de sementes é afetada porque enfrentam restrições ambientais para o florescimento, fecundação ou desenvolvimento das sementes.

A oferta e o preço das sementes de forrageiras dependem da produtividade e do número de produtores (sementeiros) atuando na multiplicação das sementes básicas dos cultivares. É desejável a obtenção de altas produtividades de

sementes para viabilizar a adoção e a expansão rápida de um cultivar como tecnologia. Por sua vez, o manejo dos campos de produção de sementes depende do conhecimento acerca da fenologia reprodutiva. Mesmo na fase de avaliação agrônômica para a produção de forragem este conhecimento é necessário para a multiplicação de sementes dos genótipos promissores para serem usadas na conservação de longo prazo e nas provas regionais.

O *Paspalum atratum* cv. Pojuca tem comportamento fenológico reprodutivo tardio, com o florescimento ocorrendo entre os meses de fevereiro e março, com a colheita das sementes entre março e abril (EMBRAPA Cerrados, 2001).

Na coleção com 42 genótipos de *Paspalum* spp. avaliada por Pizarro & Carvalho (1992) foi encontrada variabilidade quando à época de florescimento. De acordo com três classes de épocas de florescimento, observaram que 60%, 32% e 8% dos genótipos da coleção apresentam comportamento precoce (<30 dias), intermediário (30-60 dias) e tardio (> 60 dias), respectivamente. As produções de sementes variaram de 0 a 1.200 kg/ha (médias não disponível por genótipo no trabalho consultado). Os genótipos sugeridos para provas agrônômicas avançadas distribuíram-se pelas três classes de época de florescimento. Todavia, na classe tardio (> 60 dias), com apenas três genótipos, todos foram apontados como superiores quanto a produção de forragem num universo de 10 genótipos promissores. Para esse mesmo experimento, Carvalho & Pizarro (1993) relataram que a produção de sementes puras apresentou a tendência em elevar-se à medida que o ciclo vegetativo era maior, ou seja, os genótipos com maior produção de sementes eram tardios.

O conhecimento das fases fenológicas e de suas datas de ocorrência foram importantes para o manejo das áreas de produção de sementes do cv. Ubon (=Pojuca) na Tailândia, uma vez que o corte de uniformização da área muito próximo da época do florescimento reduziu a produção de sementes puras de 66 a 88 kg/ha para 0 a 13 kg/ha (Hare et al., 1997). Colheitas manuais diárias apenas das sementes maduras permitiram produções de sementes em torno de 230 kg/ha, bem acima dos 104-131 kg obtidos com o corte das hastes e trilha ou com

o corte, amontoa (“chega”) e trilha (Hare et al., 1999). Aperfeiçoamentos no tocante à formação dos campos de produção e na colheita das sementes já permitiram o alcance de produções variando de 632-651 kg/ha de sementes puras do cv. Ubon (Hare et al., 2001).

Da mesma forma, na Flórida, o *Paspalum atratum* cv. Suerte, da mesma espécie e região de origem do cv. Pojuca, não deve ser desfolhado ou pastejado faltando menos de 90 dias para a maturação das sementes, porque a mesma será afetada, situando-se bem abaixo dos 120 kg/ha frequentemente registrados com uma colheita mecanizada efetuada quando 50% das sementes nas inflorescências encontram-se maduras e caem com o toque. O melhor momento para a colheita geralmente ocorre com 28 dias após a emissão das primeiras inflorescências, graças à sincronização do florescimento em que 50 a 60% das inflorescências são emitidas 10 dias após o início da emissão das inflorescências (Kalmbacher et al., 1997a). As áreas destinadas à produção de sementes têm necessidade de desfolhações por corte ou pastejo para evitar problemas com tombamento das plantas.

As sementes dos cultivares Pojuca(=Ubon) e Suerte apresentam dormência de curta duração logo após a colheita, que para superação pode-se deixá-las nas condições de ambiente por 2 a 6 meses, que haverá incrementos na germinação (Hare et al., 1999; Kalmbacher et al., 1999).

2.3.3. Análise de adaptabilidade e de estabilidade para a produção de forragem

A avaliação da capacidade de adaptação e da estabilidade produtiva busca ampliar o conhecimento acerca da interação genótipo x ambiente, parametrizando e confrontando o comportamento dos genótipos em resposta às variações do ambiente. A literatura a esse respeito trata genericamente o tema como sendo

análise de estabilidade (Stability analysis). Todavia, face aos diversos enfoques e métodos utilizados na abordagem do tema, existem divergências acerca das metodologias e terminologias adotadas e das limitações à sua aplicabilidade, haja vista a gama de cenários possíveis numa análise da interação genótipo x ambiente.

Dyke et al. (1995) sugeriram que o termo análise de sensibilidade (sensitivity) seria o mais adequado para esse tipo de avaliação, em vez de análise de estabilidade (stability), uma vez que o termo estabilidade sugere uma “propriedade absoluta como a uniformidade” a qual não teria gradações ou variação.

Na parametrização da estabilidade fenotípica, os métodos comumente utilizados são variantes que consideram a resposta do genótipo como função de um índice ambiental, modelada por equações de regressão linear. Lin et al. (1986) enquadraram estes métodos utilizados na análise de estabilidade em duas categorias. Na primeira, o genótipo é considerado estável se a sua resposta tem o mesmo padrão (paralelo) da resposta média de todos os genótipos avaliados. Na segunda categoria, se o genótipo apresentar pequena variância residual no modelo de regressão linear do índice ambiental considerado, que corresponderia à porção do comportamento do genótipo não previsível. As duas categorias têm conceitos complementares e têm como base medidas do comportamento relativo dos genótipos avaliadas pela resposta ao índice ambiental.

Os índices ambientais utilizados na análise de estabilidade e de estabilidade são gerados a partir das produtividades obtidas pelos genótipos individualmente e pelo conjunto dos mesmos, o que faz suscitar críticas, pois as inferências tornam-se restritas e o comportamento relativo de um dado genótipo dependerá do conjunto de genótipos e dos ambientes considerados. Além disso, parâmetros são estimados (coeficientes das regressões) a partir de variáveis regressoras (índices ambientais) que foram estimadas e não a partir de uma causa de variação controlada, como ocorre com a análise de regressão clássica ou convencional (Knight, 1970; Lin et al., 1986), não sendo, a rigor, variáveis

independentes, pois não guardam independência entre média da produção do genótipo e a média do índice ambiental (Crossa, 1990). Todavia, dada a complexidade que existe em caracterizar com poucos parâmetros um ambiente, é frequente a utilização das produtividades nos diferentes ambientes para o cálculo do índice ambiental, sendo válido quando o estudo abrange um grande número de genótipos (Knight, 1970; Crossa, 1990), mesmo com a possibilidade apontada por Silva (1995) de haver distorções ou confundimentos acerca dos “efeitos de características específicas do ambientes”. Por exemplo, condições climáticas distintas, como frio e calor podem afetar a produção média, definindo um mesmo valor para o índice ambiental (Knight, 1970). Silva (1995) também considerou desejável para o êxito da análise a distribuição uniforme e abrangente dos valores dos índices ambientais, para conferir representatividade para as estimativas. Todavia, quase sempre a análise de adaptabilidade e de estabilidade é efetuada em conjuntos de dados que não foram gerados com este propósito específico. Assim, a análise interpretativa dos parâmetros deve ser cautelosa, e possui caráter exploratório e descritivo (Silva, 1995).

A incorporação dos desvios da regressão linear simples como um componente ligado à estabilidade produtiva foi proposta no método apresentado por Eberhart & Russel (1966). Este método é um dos mais utilizados e tem no coeficiente da equação de regressão linear simples, entre a produção de forragem e o índice ambiental, o indicador da adaptação do genótipo aos ambientes considerados. Apesar dessa distinção paramétrica e conceitual entre a adaptação e a estabilidade, ainda é frequente a denominação dessa abordagem como sendo apenas de análise da estabilidade, quando a rigor contempla adaptação e estabilidade produtiva dos genótipos.

Um refinamento da técnica para análise de adaptabilidade e de estabilidade foi apresentado por Silva & Barreto (1985), com posterior aprimoramento de Cruz et al. (1989) que consistiu no detalhamento do comportamento dos genótipos por categoria de ambiente (favorável e desfavorável) e na redefinição da geração do índice ambiental que, todavia, manteve a fundamentação original com base nas

produções dos genótipos nos diversos ambientes. Para tanto, o método lança mão de equações lineares bissegmentadas com um segmento para cada categoria de ambiente e o intercepto como ponto comum de ligação entre os segmentos.

No método proposto por Cruz et al. (1989), tem-se a informação acerca da taxa de variação na produção dos genótipos nos ambientes desfavoráveis, como indicação da adaptação às adversidades ambientais, e a taxa de variação na produção nos ambientes favoráveis, além do conceito de estabilidade proporcionado pela análise dos desvios da regressão. Com essa abordagem, contempla-se e tenta-se explorar o conceito biológico de adaptação e de estabilidade fenotípica nos ambientes adversos, segundo o qual os genótipos ideais devem apresentar variação mínima entre os ambientes (Becker, 1981). Assim, os genótipos mais adequados para as condições adversas deverão apresentar baixos coeficientes de regressão para o segmento correspondente a estes ambientes. Por sua vez, o genótipo ideal também deverá apresentar capacidade de resposta às melhorias das condições ambientais, sendo, portanto, aqueles com maiores coeficientes de regressão para o segmento dos ambientes favoráveis. Todavia, Becker (1981) alertou para o conflito na exploração biológica e agrônômica desses comportamentos conceituais, uma vez que os genótipos com desempenho uniforme entre ambientes tendem a não ser responsivos a melhorias na condição dos mesmos e propõe que seja avaliada a contribuição do componente genético para a interação genótipo x ambiente.

Na literatura são poucos os registros do uso da técnica em forrageiras. Lee et al. (1994) aplicaram conceitos da análise de estabilidade na avaliação da interação genótipo x ambiente, os quais foram integrados com a análise de agrupamentos para avaliar a produção e a persistência de genótipos de trevo branco, obtendo êxito na identificação de grupos de genótipos com diferentes perfis de atributos. Nesse experimento os autores consideraram os anos de avaliação como diferentes ambientes, como aventado por Knight (1970), como

estratégia para cobrir as variações entre anos, uma vez que o principal enfoque era a persistência dos genótipos.

Como o conceito de ambiente é bastante amplo, diferenças entre anos, estações, práticas de manejo, entre outros, podem ser considerados como ambientes distintos ou variações dentro de um macroambiente. Quando ocorrendo num sítio de referência para uma região, essas variantes são de grande valia para balizamento das transferências de genótipos para os ensaios regionais e até mesmo para redução do número de ensaios regionais. No entanto, uma ampla rede de ensaios é necessária para questões como a adaptação ao clima e a susceptibilidade à pragas e doenças.

2.3.4. Fertilidade do solo e produção de forragem

As características e propriedades químicas do solo definem a sua fertilidade, refletindo-se no nível de produtividade dos cultivos e nas práticas exigidas para a sua manutenção.

Os solos explorados com pastagens no Brasil apresentam como principais limitações de ordem química, a acidez, os baixos teores de bases trocáveis e fósforo e elevadas concentrações de alumínio e manganês (Raij, 1991). Face a estas limitações, à baixa viabilidade econômica das adubações em algumas regiões ou tipos de exploração e à extensão das áreas com pastagens, procurou-se conviver ou superar estas restrições com a busca de germoplasma adaptado ao uso mínimo de insumos (Spain & Salinas, 1985).

Genótipos foram identificados e adotados massivamente em áreas marginais àquelas recomendadas pela pesquisa, que juntamente com um manejo precário do pastejo e da fertilidade do solo configuraram um cenário preocupante para a exploração da pecuária e a conservação do solo e da água, decorrente de extensos e intensos processos de degradação das pastagens. Macedo (1995) estimou para os domínios do ecossistema Cerrado que mais de 50% das áreas com pastagens cultivadas apresentam-se em estado de degradação, cujo retorno

da produtividade a patamares aceitáveis passa predominantemente pela recuperação e manejo da fertilidade do solo (Rodrigues et al., 2000).

Progressivamente, a competitividade da pecuária em relação a outras atividades está na dependência de pastagens produtivas e longevas, que tem demandado genótipos mais produtivos, porém quase sempre mais exigentes quanto ao suprimento de nutrientes. Assim, a análise do comportamento produtivo dos genótipos frente a diferentes condições de fertilidade passa a ser determinante na tomada de decisão para melhor exploração da interação genótipo x fertilidade do solo. Apesar da degradação das pastagens ser uma realidade, a integração da agricultura com a pecuária tem se expandido como opção para a rotação de cultivos e/ou para a recuperação e renovação de pastagens, potencializando o uso dos recursos. Nessas estratégias que integram cultivos, a condição de fertilidade do solo quase sempre é mais favorável, comportando genótipos mais produtivos e responsivos a melhorias na fertilidade. Da mesma forma, os sistemas de produção sustentados ou com maior uso de insumos gradualmente têm a condição do solo melhorada e passam a demandar genótipos com elasticidade em sua resposta produtiva. Desse modo, os programas de seleção de forrageiras tiveram que contemplar um maior número de situações de uso potencial para o germoplasma avaliado.

Uma pastagem com espécies perenes deve ter, a partir da fase de estabelecimento, condições para apresentar rápida cobertura do solo e capacidade de competição, as quais são favorecidas pela fertilidade inicial do solo. O início de uma desejável longa jornada produtiva dependerá da redução dos efeitos de elementos tóxicos e da maior disponibilidade de nutrientes minerais, que acontece com as práticas da calagem e da adubação.

A literatura sobre calagem e adubação de pastagens tropicais tem se expandido e experimentado mudanças nos critérios de recomendações nas últimas décadas (Tergas & Sánchez, 1979; Werner, 1986; Mattos et al., 1986; Goedert, 1987; Werner et al., 1996; Vilela et al., 1998). Todavia, o conhecimento gerado tem sido integrado a partir de informações compartmentalizadas, pois

experimentalmente os desafios da pesquisa têm predomínio dessa abordagem, inclusive como forma de evitar o confundimento na interpretação dos resultados. Assim, os trabalhos com adubação de pastagens quase sempre tratam de respostas a fontes ou doses de nutrientes específicos e não para uma estratégia de adubação com vários nutrientes porque a inferência passa a ser bem mais restrita. Nas etapas iniciais de um programa de seleção para a produção de forragem não há espaço para esse tipo de abordagem dado o número de genótipos avaliados. Daí tem-se que os genótipos são expostos a condições padrões de fertilidade ou estratégias de calagem e adubação, com as modelagens de respostas específicas ficando restritas aos experimentos de apoio nas fases mais avançadas do programa.

A resposta à adubação e outras práticas de manejo em *Paspalum* spp. foi investigada principalmente nos cultivares selecionados ou melhorados para as condições subtropicais. Desta forma, além da escassez de informações sobre o gênero, em boa parte não permitem maiores inferências. Felizmente, com os lançamentos recentes de cultivares de *Paspalum* para a faixa tropical foram disponibilizadas informações sobre a calagem e adubação dentro do pacote tecnológico de lançamento.

Segundo Vilela et al. (1998) o *Paspalum atratum* cv. Pojuca tem grau médio de adaptação à baixa fertilidade (escala: muito baixo, baixo, médio, alto), sendo enquadrado como exigente em fertilidade assim como os cvs. Marandu e Vencedor que têm baixa adaptação à baixa fertilidade. A recomendação de calagem para este cultivar prevê a elevação da saturação por bases para 30 a 35% e, conforme a análise de solo, uma adubação fosfatada de plantio variando de 20 a 180 kg/ha de P_2O_5 , adubação potássica variando de 0 a 40 kg/ha de K_2O e adubação nitrogenada em cobertura com 40 a 50 kg/ha de N em solos com baixo teor de matéria orgânica. Para manutenção no caso de sistemas extensivos, as adubações nitrogenadas e fosfatadas seriam a cada dois anos com 40 kg/ha de N e 20 kg/ha de P_2O_5 . Essas recomendações já incorporam o critério de saturação por bases mais alto e de adubação em maiores doses que as

recomendadas anteriormente ($V\% = 25\%$) para avaliação de forrageiras nos programas de seleção para o trópico (Carvalho et al., 1992, Toledo, 1982).

Avaliando dez gramíneas, dentre elas dois genótipos de *Paspalum* spp. (BRA-009610 e 000159), estabelecidas após a aplicação num latossolo vermelho-escuro de duas doses de calcário ($V=15\%=580$ kg/ha; $V=40\%=2140$ kg/ha) e três doses de fósforo (50, 100 e 150 kg/ha de P_2O_5), Vilela et al. (1992) registraram incrementos, em relação a menor dose, de 138% e de 32% na produção de forragem nas fases de estabelecimento e de utilização das forrageiras, respectivamente. Os genótipos de *Paspalum* spp. mostraram-se bastante exigentes em fósforo, pois apresentaram baixa produção de forragem nas menores doses, porém com as maiores aumentos na produção (46 a 85%) com as maiores doses. Não houve efeito da interação genótipo x doses de fósforo. Para a prática da calagem os incrementos na produção de forragem foram de 28% e de 4,5% nas fases de estabelecimento e de utilização das gramíneas, respectivamente. Verifica-se que a condição de fertilidade mais favorável proporciona maiores diferenciais na fase de estabelecimento e torna-se mais crítica para as espécies mais exigentes.

As recomendações de corretivos e fertilizantes procuram compatibilizar características dos solos, das plantas cultivadas, dos sistemas de produção em que as mesmas são exploradas, a relação de troca insumo *versus* produto e as condições sócio-econômicas predominantes de cada região (Mattos et al., 1986). Na Flórida, com sistemas de produção animal mais intensivos, Kalmbacher et al. (1997a) apontaram o cv. Suerte como bastante exigente quando comparado com o cv. Pensacola, recomendando calagem para elevar o pH do solo acima de 5,5, com a adubação de plantio com 56 kg/ha de N, 34 kg/ha de P_2O_5 e 45 kg/ha de K_2O e após 6 a 8 semanas a aplicação de mais 56 kg/ha de N e 45 kg/ha de K_2O . Para manutenção, a recomendação de adubação seria com 168 a 224 kg/ha/ano de N fracionada em seis aplicações e 45 kg/ha de P_2O_5 e 45 kg/ha de K_2O , aplicados duas vezes ao ano.

Da mesma forma, para o Estado de São Paulo, tem-se que as recomendações de calagem e adubação apresentadas por Werner et al. (1996) para espécies exigentes em fertilidade situam-se acima das recomendações de Vilela et al. (1998).

No ambiente do Cerrado de Planaltina-DF, Carvalho et al. (1992) avaliaram 42 genótipos de *Paspalum* spp. num latossolo vermelho escuro adotando dois padrões de correção e adubação para a formação de pastagens. Um dos padrões (calcário: 3.000 kg/ha = V= 40%; P₂O₅: 200 kg/ha e K₂O: 100 kg/ha) equivalia à correção e adubação para áreas com cultivos anuais daquela região e o outro padrão (calcário: 1.700 kg/ha = V= 25%; P₂O₅: 80 kg/ha e K₂O: 60 kg/ha) correspondia à recomendação (da época) para o estabelecimento de pastagens, porém sem adubação nitrogenada. Nas avaliações para produção de forragem efetuadas na fase de estabelecimento, na rebrota de 47 dias na estação chuvosa e ao final do primeiro ano os autores não constataram o efeito dos padrões de adubação de estabelecimento. Todavia, foram verificadas grandes amplitudes de variação entre os genótipos para as variáveis consideradas. Possivelmente a ausência de adubação nitrogenada, restringindo o crescimento, ou o teor de matéria orgânica do solo (3%), nivelando a oferta de nutrientes, tenham sido responsáveis pela ausência do efeito da aplicação do corretivo e demais nutrientes. De forma otimista, os genótipos também poderiam ser adaptados à condição de fertilidade mais baixa. Esse comportamento foi bastante diferente do relatado por Vilela et al. (1992) para dez gramíneas avaliadas no mesmo ecossistema com gêneros e espécies reconhecidamente mais exigentes, que responderam à calagem e à adubação no primeiro ano.

Um aspecto pouco avaliado na pesquisa com plantas forrageiras por causa do tempo necessário e custos envolvidos é a avaliação do efeito residual das adubações e dos nutrientes reciclados nas pastagens. No trabalho de Vilela et al. (1992) verificou-se que para a calagem e para a adubação fosfatada em doses mais elevadas os acréscimos na produção de forragem eram menores na fase de utilização do que na fase de estabelecimento, indicando que a modulação da

resposta na fase de produção é dependente de novas adubações, principalmente nitrogenada. Dependendo das doses, nutrientes e fontes de fertilizantes aplicados na fase de utilização, a pastagem com manejo do pastejo adequado apresentará estabilidade produtiva e até acréscimos na sua produção de forragem pelo aumento dos teores de matéria orgânica do solo e/ou maior estoque de nutrientes, num processo gradual de construção da fertilidade do solo. Assim, com a suspensão ou a alternância de períodos com ou sem adubação ainda seria possível ao reservatório de nutrientes do solo sustentar a produtividade por um curto período. Em especial, quando consideramos os nutrientes com menores perdas (e.g. menos solúveis e cátions) ou menos exportados como produto animal. Recomendações de calagens e adubações fosfatadas menos frequentes estão fundamentadas nessa lógica de menores perdas e exportações de nutrientes.

Algumas estratégias de recuperação de pastagens com culturas anuais ou que integram a agricultura com a pecuária em sistema de rotação/ sucessão lançam mão dos benefícios do aporte de nutrientes e do efeito residual dos mesmos em curto prazo.

2.4. Métodos multivariados

Métodos multivariados permitem a avaliação simultânea de um conjunto de variáveis medidas num objeto ou indivíduo, considerando as relações existentes entre as mesmas. Assim, métodos multivariados podem ser bastante úteis para a análise de um grande número de genótipos avaliados em diversas condições nas quais foram tomadas várias informações por um longo período, dada a capacidade de síntese proporcionada pelo uso dessas técnicas. A utilização destes métodos dependerá da natureza da informação coletada e da proposta de

utilização. James & McCulloch (1990) classificaram os métodos multivariados como sendo de predição, inferência (ex. MANOVA), alocação, classificação (análise de agrupamentos) ou de ordenação (análise de componentes principais), conforme o objetivo da análise. Para estes autores, todos os métodos têm como objetivo comum a descrição e são bastante úteis principalmente na análise exploratória dos resultados.

A análise de componentes principais e a análise de agrupamentos são dois dos métodos mais utilizados na pesquisa/experimentação em ecologia e sistemática (James & McCulloch, 1990). Essas duas técnicas também são utilizadas individualmente ou de forma complementar na pesquisa com recursos genéticos e em pastagens (Kelly & Basford, 2000).

2.4.1. Análise de variância multivariada

A análise de variância multivariada é utilizada na exploração da relação entre diversos tratamentos e um conjunto de variáveis (Hair Jr. et al., 1995) e tem como objetivo geral a inferência acerca de diferenças entre tratamentos com base na média de todas as variáveis (James & McCulloch, 1990). De modo simplista, trata-se de uma extensão da análise de variância univariada. No entanto, com a vantagem de não ignorar as correlações entre as variáveis dependentes. Porém, demanda maior número total de observações, inclusive por tratamento ou nível de um fator. O número de observações por fator ou combinação de fatores (tratamentos) deve ser superior ao número de variáveis dependentes consideradas na análise (Hair Jr. et al., 1995).

Existem vários testes estatísticos para a análise da significância dos efeitos dos fatores na análise de variância multivariada (Roys's greatest characteristic root; Wilk's lambda, Hotelling's Trace e Pillai's Criterion). A escolha baseia-se na imunidade às violações dos pressupostos da análise e na manutenção do poder

do teste. O teste mais robusto para eventuais violações e para amostras de menor tamanho e de tamanhos diferentes é o Critério de Pillai (Hair Jr. et al., 1995).

2.4.2. Análise de componentes principais

A análise de componentes principais tem como objetivo geral a ordenação da informação original acerca dos genótipos a partir da condensação ou compactação dessa informação em um menor número de variáveis abstratas (os componentes principais) obtidas pela combinação linear das variáveis originais. Com isso, é possível a expressão do comportamento dos genótipos ou da coleção com o mínimo de perdas da informação original (James & McCulloch, 1990; Hair Jr. et al., 1995; Manly, 1997; Kelly & Basford, 2000).

Na análise de componentes principais, parte-se de um conjunto de variáveis e gera-se um novo conjunto de variáveis independentes (componentes principais) que serão interpretadas ou ainda utilizadas com outros métodos multivariados (Everitt, 1995). Cada componente principal é gerado pela combinação linear das variáveis de modo a maximizar a variância que ele expressa, seguindo uma ordenação que permite que cada componente principal sucessivamente expresse uma menor proporção da variância total da coleção. Adicionalmente, é assegurada a independência ou ortogonalidade entre cada componente principal, o que permite ao conjunto dos mesmos a expressão aditiva da variância (soma). No entanto, os componentes principais mais importantes são aqueles gerados inicialmente e que são utilizados para sumarizar a variância da coleção. No caso das variáveis originalmente medidas em escalas diferentes, a análise é efetuada após a padronização, uniformizando a variância (valor=1) entre elas e considerando a correlação linear entre as variáveis padronizadas para as estimativas dos coeficientes (dos autovetores) de cada componente principal (James & McCulloch, 1990; Hair Jr. et al., 1995).

Existem vários critérios para a definição do número de componentes principais que serão utilizados para exprimir a maior parte da variância de uma coleção. Quanto menor o número de componentes principais com essa capacidade de síntese melhor a eficiência da técnica e mais simples a interpretação. Os critérios mais utilizados na pesquisa com recursos genéticos têm como base o valor da variância que um componente principal exprime, que deverá ser acima de 1 (para dados padronizados), ou ainda a porcentagem da variância acumulada (Hair Jr. et al., 1995), que deve situar-se acima de um valor aceitável como representativo da variância total. Em ambos os critérios, busca-se um compromisso entre a simplificação do conjunto de dados (nº de componentes principais) e a expressão da variabilidade fenotípica. O valor de referência para a variância acumulada, nesse último critério, é 80%, o qual é passível de críticas uma vez que a utilização de médias (que despreza a estrutura do delineamento) e a padronização das mesmas implicam perda da variabilidade entre indivíduos e a uniformização da variância entre as variáveis.

A capacidade de expressar a variância de uma coleção com um pequeno número de componentes principais é variável com o número e a natureza das variáveis, com o grau de associação entre as variáveis e com o número de genótipos considerados.

Veasey et al. (2001) avaliaram nove caracteres agrônômicos, conseguindo exprimir em três componentes principais até 77% da variabilidade fenotípica de uma coleção com 19 genótipos de *Sesbania* spp.. Também com 29 genótipos de espécies arbustivas, Veasey et al. (1999a) expressaram em três componentes principais cerca de 80% da variância fenotípica da coleção avaliada por caracteres fenológicos e agrônômicos. Por sua vez, numa coleção multigenérica de leguminosa herbáceas Veasey et al. (1999b) verificaram que para a expressão de mais de 80% da variância fenotípica foram necessários de três a cinco componentes principais, conforme os grupos (espécies) de genótipos considerados. Para um mesmo grupo de 44 genótipos de *Neonotonia* spp. avaliado em duas condições de adubação, Ghisi et al. (1994) observaram que

eram necessários cinco componentes principais para a expressão de mais de 80% da variabilidade da coleção para 11 ou 12 variáveis ligadas à adaptação agrônômica, fenologia e produção de sementes.

Da análise dos valores dos coeficientes de ponderação das variáveis originais em cada componente principal e do coeficiente de correlação das variáveis originais com os componentes principais pode-se também definir as variáveis de maior e de menor importância relativa e com poder de discriminação em cada componente principal. Também é possível definir um perfil para cada um dos componentes principais selecionados para exprimir o conjunto da variância de uma coleção (Hair Jr. et al., 1995).

A orientação do descarte de variáveis apontadas como redundantes ou com baixa contribuição para o conjunto da variabilidade fenotípica de uma coleção tem sido bastante explorada na análise de componentes principais. O principal propósito dos descartes de variáveis é a simplificação na tomada de um mesmo conjunto de observações em futuras avaliações de uma coleção. Existem diversos critérios para supressão de variáveis com resultados equivalentes e satisfatórios para situações com variáveis reconhecidamente redundantes (Jolliffe, 1972; 1973).

Por ser um critério simples e não implicar cálculos posteriores à análise, Strapasson et al. (2000) e Regitano Neto & Batista (2001), selecionando descritores em coleções de *Paspalum* spp., descartaram as variáveis com maiores valores absolutos para os coeficientes de ponderação em cada um dos componentes principais cujo autovalor (=variância) era inferior a 0,7 (Jolliffe, 1972), iniciando a averiguação pelo último componente principal (o de menor expressão da variância fenotípica). Com base nesse critério, Strapasson et al. (2000) puderam descartar entre 43 e 68% dos 58 descritores avaliados de forma exploratória na caracterização de 27 genótipos de *Paspalum* spp.. Com a mesma estratégia anterior, mas com o foco nos descritores com maior capacidade de discriminação, Santos et al. (1995) reduziram a relação original de 20 descritores para apenas sete descritores, quando avaliaram 54 genótipos de *Cajanus cajan*

(L.) Millsp.. A análise de componentes principais foi aplicada a dados coletados em dois anos de avaliação, o que permitiu identificar de forma consistente aqueles descritores de maior importância. Daher et al. (1997) aplicaram por três anos descritores em 60 genótipos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). Apenas oito dos 22 descritores permaneceram para fins de caracterização da coleção. Também com capim-elefante, Tcacenco & Lance (1992) selecionaram descritores de um universo de 89 aplicados em nove genótipos. Veasey et al. (1999a; 1999b; 2001) e Ghisi et al. (1994; 1999) também lançaram mão do descarte de variáveis agronômicas a partir de resultados da análise de componentes principais.

Jolliffe (1973) sugeriu um número mínimo de quatro variáveis como remanescentes para explicação da variabilidade fenotípica quando se registra um processo intenso de descarte.

Os ganhos com a síntese da informação decorrentes da ACP's somente serão possíveis se existir alguma estrutura de correlação/covariância entre as variáveis consideradas. Da mesma forma, o resultado da análise e a definição das variáveis de maior ou menor importância relativa dependerão do conjunto de variáveis consideradas na análise e da representatividade da amostra considerada.

2.4.3. Análise de agrupamentos

A análise de agrupamentos tem caráter classificatório, exploratório, descritivo e de síntese. Visa a formação de grupos distintos e não previamente definidos de genótipos, de modo que a semelhança entre genótipos do mesmo grupo é maior que a semelhança entre genótipos de diferentes grupos, ou seja, são minimizadas as diferenças dentro do grupo e maximizadas as diferenças entre grupos (James & McCulloch, 1990).

Na análise de agrupamentos existem métodos hierárquicos do tipo aglomerativo ou divisivo para a formação dos grupos. No entanto, os métodos do tipo aglomerativo são os mais utilizados, sendo grande o número de algoritmos para este propósito. Esses algoritmos são aplicados a uma medida de similaridade, que também necessita ser especificada. No método hierárquico aglomerativo, os dois genótipos mais semelhantes (definidos pelo algoritmo e a medida de similaridade) são reunidos em um grupo. Em seguida, a nova distância de similaridade entre o grupo constituído e os outros grupos é calculada sucedendo-se as junções entre aqueles grupos de indivíduos mais semelhantes. Progressivamente, as fusões passam a ocorrer entre genótipos ou grupos menos similares até que todos os indivíduos e a diversidade da coleção estejam reunidos num único grupo. Os grupos são formados sem que necessariamente exista um agrupamento natural dos indivíduos, sendo variável o resultado de acordo com o algoritmo e a medida de similaridade considerados (James & McCulloch, 1990; Everitt, 1995; Manly, 1997).

Existem vantagens e desvantagens entre os diversos algoritmos. No entanto, o mais comumente utilizado em estudos de ecologia e sistemática é o das distâncias médias (James & McCulloch, 1990) entre grupos (UPGMA – Unweighted pair-group method using average), que consiste no cálculo da média de todas as distâncias entre cada indivíduo de um grupo em relação a cada um dos indivíduos do outro grupo (Everitt, 1995). Com esse algoritmo, a influência de valores extremos no grupo é minimizada e há a tendência em formar grupos com pequena variância, o que é desejável, de um modo geral, pois representa maior homogeneidade dentro do grupo (Hair Jr. et al., 1995).

Aplicada ao conjunto das variáveis, a distância Euclideana simples é a medida de similaridade mais utilizada, com várias outras sendo derivadas da mesma. De modo a minimizar distorções decorrentes das diferentes escalas e unidades que possam existir entre as variáveis, é recomendada a padronização prévia das mesmas (média zero, variância um). Haverá minimização das diferenças entre grupos, pois uma variável com maior contribuição para as

diferenças entre grupos passará a ter a mesma variância que as demais (Everitt, 1995; Hair Jr. et al., 1995; Manly, 1997).

O número final de agrupamentos é mais um aspecto da análise (além do método ou algoritmo e da medida de similaridade) que necessita ser definido. Para Kelly & Basford (2000), quase sempre envolve subjetividade e tem como base a distribuição da variação entre grupos. Para Hair Jr. et al. (1995) não existe um padrão, mas com base na distância de similaridade podem ser definidos critérios. Pode-se optar pelo final das fusões ou junções a partir de um dado valor da medida de similaridade ou (ainda) quando se observa que para a ocorrência de novas junções há uma grande variação na medida de similaridade (distância de ligação). Dias Filho et al. (1994;1995) e Veasey et al. (2001) adotaram este último critério para definição do número de grupos em coleções de *P.maximum* e de *Sesbania*, respectivamente, compatibilizando a discriminação entre grupos de forma satisfatória. O número de grupos variou conforme o conjunto de caracteres considerados (morfológicos, agronômicos, selecionados pela análise de componentes principais) por Veasey et al. (2001) na análise com uma mesma coleção de genótipos.

Todavia, há espaço para diversos critérios sejam de fundamentação teórica, empírica, prática ou funcional. A melhor solução passa pela conciliação de aspectos conceituais e práticos do problema. Na avaliação de germoplasma é importante definir agrupamentos homogêneos que permitam discriminar o perfil da coleção, com um número de grupos e de indivíduos em cada grupo que possibilite a interpretação, a manipulação e a utilização futura da informação gerada. Especificamente, para a seleção de genótipos para estágios subsequentes de um programa de seleção, se for elevado o número e a dimensão dos grupos haverá restrições para as avaliações posteriores que exigem maior refinamento e um menor número de genótipos. Com esse propósito, pôde-se verificar que diversos trabalhos em que a técnica da análise de agrupamentos foi utilizada, teve-se entre 4 e 10 grupos constituídos pelos genótipos das coleções. Verificou-se ainda que a interpretação do perfil dos grupos é facilitada quando são utilizados genótipos

testemunhas que servem de referências como traçadores de desempenho para o conjunto das variáveis consideradas.

Quase sempre a análise de componentes principais e a análise de agrupamentos são utilizadas isoladamente para um mesmo conjunto de variáveis quando da análise exploratória e descritiva de coleções de genótipos. No entanto, partindo-se de um conjunto de variáveis é possível utilizar os resultados da análise de componentes principais (“escores por genótipo”) na análise de agrupamentos (na seqüência). O principal argumento ao uso integrado das técnicas reside no menor número de variáveis (os componentes principais) a serem utilizados na análise de agrupamentos e na independência das observações geradas pela análise de componentes principais, uma vez que a análise de agrupamentos é afetada por variáveis correlacionadas (Hair Jr. et al., 1995). Todavia, como podem haver grandes divergências com ou sem a integração, e pelo fato da interpretação ser fundamentada num outro conjunto de variáveis (não originais), Manly (1997) considerou prudente o uso isolado das duas técnicas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Localização e clima

O experimento foi conduzido no Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados (CPAC – EMBRAPA Cerrados), localizado em Planaltina-DF – Brasil (15°35'30" de latitude Sul, 47°42'30" de longitude Oeste e 1.000 m de altitude), compreendendo o período entre setembro de 1991 e junho de 1996. Neste local, o clima é do tipo Aw (Köppen), com a temperatura média do ar de $22 \pm 1^\circ\text{C}$ e a precipitação pluvial acumulada anualmente de 1500 ± 125 mm, sendo 87% da precipitação pluvial total concentrada nos meses de outubro a março (Tabela 1). A radiação solar é alta com valor médio de $364 \text{ cal/cm}^2/\text{dia}$. Durante o período experimental o regime hídrico diferiu da série histórica, sendo mais chuvoso e concentrado no primeiro ano, e mais seco no segundo e terceiro anos (Tabela 1).

3.2. Tratamentos, unidades experimentais e delineamento

Em duas estratégias de calagem e adubação (Menor e Maior) de estabelecimento, 89 genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 2) foram avaliados sob

Tabela 1. Temperatura média do ar e precipitação pluvial mensal registradas no período de avaliação da coleção de *Paspalum* spp. na Região dos Cerrados. Planaltina- DF, Brasil.

Mês-Ano	Temperatura média do ar (°C)						Precipitação pluvial (mm)					
	1992	1993	1994	1995	1996	1973-91	1992	1993	1994	1995	1996	1973-91
Janeiro	21,4	22,0	22,7	22,8	23,1	22,3	372	162	190	266	109	291
Fevereiro	20,9	22,0	23,0	23,1	23,9	22,6	330	315	117	191	61	197
Março	22,0	23,1	22,5	23,2	23,3	22,7	124	22	312	154	210	250
Abril	22,1	22,4	22,8	22,8	22,4	22,3	199	83	87	164	35	99
Maio	21,0	20,6	22,0	21,8	21,8	21,1	21	16	35	19	29	31
Junho	19,3	19,7	20,1	19,7	19,4	20,5	0	15	29	4	0	5
Julho	19,6	20,1	19,7	20,5	19,8	19,8	0	0	0	0	0	9
Agosto	21,2	21,5	21,4	22,1	-	21,5	26	14	0	0	-	14
Setembro	22,0	23,4	24,2	24,1	-	23,1	99	39	0	0	-	46
Outubro	22,6	23,5	24,9	24,6	-	23,0	124	97	46	116	-	163
Novembro	22,0	23,4	23,7	22,4	-	22,5	349	90	259	257	-	178
Dezembro	21,6	22,2	23,3	22,8	-	22,2	241	257	101	207	-	248
Soma							1885	1110	1177	1377	443	1528
Média	21,3	22,0	22,5	22,5	22,0	22,0	157	93	98	115	63	127
Desvio Padrão	1,0	1,3	1,5	1,4	1,7	1,0	139	103	105	105	75	106

Fonte: Estação Meteorológica Central da EMBRAPA-CPAC.

Tabela 2. Genótipos de *Paspalum* spp. avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilização de plantio/formação num Latossolo Vermelho da Região dos Cerrados.

000159 ^a	003824	004120	005088	005819	006572	006602	006611
006700	006718	008508	008524	008532	008567	008613	008630
008648	008672	008681	008869	008877	008893	008923	008940
008958	008974	008982	009016	009032	009083	009105	009202
009229	009415	009610 (cv.Pojuca)	009652	009687	009717	009784	010154
010391	010511	010537	011053	011207	011282	011355	011479
011517	012424	012483	012521	012556	012581	012599	012602
012661	012700	012734	012793	012823	012866	012874	012912
012921	012939	013102	013111	013692	013927	013978	014010
014354	014630	014729	014826	014851	014885	014907	018996
019470	012645A	012645B	BE1 hib apo	BE1 hib Sex	MS-040	V-11802/1	V-11843
V-11884	<u><i>P.maximum</i> cv.</u> Vencedor	<u><i>A. gayanus</i> cv.</u> Planaltina	<u><i>B.brizantha</i></u> cv.Marandu	<u><i>B.brizantha</i></u> BRA-003441	<u><i>B.brizantha</i></u> BRA-004391		

^a Genótipos grafados com caractere Normal: N° BRA - N° de registro no sistema nacional/brasileiro de pesquisa agropecuária. Genótipos em **negrito** ainda não possuem N° BRA, sendo identificados por códigos ou N° do coletor (V:José F. M. Valls; MS: Mário Sotter França-Dantas; BE: desconhecido). Os genótipos sublinhados representam as testemunhas ou genótipos de referência de outros gêneros (*Andropogon*, *Brachiaria* e *Panicum*) já selecionados para as condições ecológicas locais.

regime de cortes, buscando identificar genótipos superiores para os estágios subsequentes do programa de seleção de germoplasma forrageiro adaptado às condições ecológicas dos Cerrados. Esses genótipos foram introduzidos na EMBRAPA Cerrados a partir da EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN - Centro Nacional de Pesquisa em Recursos Genéticos e Biotecnologia), predominando os genótipos do Grupo *Plicatula* e provenientes de expedições de coleta nos Estados do Mato Grosso do Sul e Rio Grande do Sul (Tabela 3). Treze dos genótipos de *Paspalum* spp. já haviam sido introduzidos e avaliados preliminarmente na EMBRAPA Cerrados e por terem se destacado

(Pizarro & Carvalho, 1992), compuseram a coleção objeto desta avaliação, merecendo destacar o cultivar Pojuca (*Paspalum atratum* Swallen BRA-009610), primeiro cultivar de *Paspalum* selecionado para as condições do Cerrado (EMBRAPA Cerrados, 2001), que na ocasião já havia despontado como promissor. Também foram incluídos os capins Marandu (*Brachiaria brizantha* (Hochst. ex A. Rich.) Stapf. cv. Marandu), Planaltina (*Andropogon gayanus* var. bisquamulatus Kunth. cv. Planaltina) e Vencedor (*Panicum maximum* Jacq. cv. Vencedor) como genótipos de referência já selecionados para as condições ecológicas da Região dos Cerrados (Nunes et al., 1985; EMBRAPA Cerrados, 1990), bem como dois genótipos promissores de *Brachiaria brizantha* (BRA-003441 e BRA-004391) que encontram-se em avaliação em ensaios regionais (Pizarro, 2001). Alguns dos dados de passaporte dos genótipos são apresentados na Tabela 1-A, nos Apêndices.

A área experimental apresenta relevo plano e o solo um Latossolo Vermelho distrófico (LVd) (anteriormente Latossolo Vermelho Escuro – LE; Oxisol, Haplustox - USDA; Ferralsol - FAO), de textura argilosa, álico e extremamente ácido (FAO, 1984; EMBRAPA, 2001), sendo uma das classes de solos predominantes nos Cerrados (Goedert, 1987). Os principais índices analíticos do solo, obtidos em amostras de terra coletadas em agosto de 1991, são apresentados na Tabela 4.

As condições diferenciadas de fertilidade do solo foram proporcionadas por duas estratégias de calagem e adubação de formação, definidas por **menor** e **maior**, conforme apresentado na Tabela 5. A condição de fertilidade inicial denominada **menor** representava o comumente preconizado para o estabelecimento de pastagens manejadas com baixo uso de insumos nas condições de Cerrado e consistiu em uma aproximação diante dos índices analíticos registrados anteriormente nesta classe de solo no local da área experimental.

Na condição de fertilidade inicial denominada **maior**, as doses de corretivos e de adubos foram estimadas considerando as quantidades comumente necessárias para que esta classe de solo, nas condições locais, atingisse índices

Tabela 3. Número (Nº) e participação relativa (%) por gênero/espécie, local de coleta e grupo botânico dos genótipos de gramíneas forrageiras avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilização de plantio/formação num Latossolo Vermelho da Região dos Cerrados. Planaltina-DF-Brasil.1991-1996

Gênero ou Espécie ¹	Local de Coleta/Origem		Grupo Botânico					Total de genótipos Nº e (%)	
	País ou Continente	Unidade da Federação/Província	<i>Plicatula</i>	<i>Virgata</i>	<i>Notata</i>	Não determinado	Não disponível (NDIS)		Não se aplica
<i>Paspalum</i> spp. (89 genótipos) 94,6%		Goiás	2						2 (2,1%)
		Minas Gerais	2						2 (2,1%)
		Mato G. do Sul	14	5		1	3		23 (24,5%)
		Mato Grosso	2						2 (2,1%)
		Brasil (84 genótipos)	Paraná	9					9 (9,6%)
		R.G. do Sul	29						29 (30,9%)
		Sta. Catarina	10	1					11 (11,7%)
		São Paulo	1						1 (1,1%)
		NDIS	1				2		3 (3,2%)
		Não se aplica				2			2 (2,1%)
	Argentina	Corrientes				1			1 (1,1%)
	Paraguai	NDIS	1						1 (1,1%)
	NDIS	NDIS	1	1		1			3 (3,2%)
<i>A.gyanus</i> ¹	África	NDIS						1	1 (1,1%)
<i>B.brizantha</i>	África	NDIS						3	3 (3,2%)
<i>P.maximum</i>	África	NDIS						1	1 (1,1%)

Nº e participação (% do total) dos genótipos 72 (76,6%) 7 (7,4%) 3 (3,2%) 4 (4,3%) 3 (3,2%) 5 (5,3%) 94 (100%)

1- Em sublinhado: Testemunhas – gramíneas de outros gêneros - *Andropogon gyanus* cv. Planaltina; *Brachiaria brizantha* cv. Marandu e BRA-003441; *B.brizantha* BRA-004391; *Panicum maximum* cv. Vencedor

Tabela 4. Análise química e granulométrica em amostras de terra de um Latossolo Vermelho distrófico tomadas previamente (1991) à adoção de duas estratégias de calagem e adubação para cultivo de *Paspalum* spp.. Planaltina, DF, Brasil.

Camada (cm)	pH ^a	MO	P (Mehlich-1)	K	Ca+Mg	Soma de Bases S	H+Al	Al	CTC Efetiva t	CTC Potencial (a pH 7,0) T	Satura- ção por Al - m	Satura- ção por bases V
	H ₂ O	g/100g	mg/kg			cmol _c /dm ³				%		
0-20	4,2	1,91	1,7	0,12	1,48	1,60	4,80	0,74	2,34	6,4	32	26
20-40	4,1	-	0,3	0,07	0,28	0,35	-	0,89	1,24	-	72	-
40-60	4,1	-	0,2	0,07	0,38	0,45	-	0,47	0,92	-	51	-

Granulometria (g/kg na TFSA^{a,b})

Areia	Silte	Argila
180	200	620

a- Análises efetuadas nos Laboratórios de química e física do solo da EMBRAPA-CPAC. b- Terra fina seca ao ar

analíticos que possibilitassem o crescimento e o desenvolvimento de cultivos anuais, simulando uma condição de fertilidade registrada em “terras de culturas”. Esta condição foi incluída com a intenção de se conhecer o potencial de resposta dos genótipos numa condição mais favorável de fertilidade e supondo que os mesmos possam vir a compor sistemas de produção que integrem a agricultura com a pecuária, via rotação/sucessão de cultivos (grãos – pastagens), seja na formação ou na reforma de pastagens.

Tabela 5. Quantidades equivalentes de corretivos e nutrientes aplicados num Latossolo Vermelho distrófico para proporcionarem duas condições de fertilidade inicial (Menor e Maior) para avaliação sob regime de cortes de uma coleção de *Paspalum* spp. no ambiente dos Cerrados. Planaltina-DF.

Equivalentes em corretivos e Nutrientes	Fertilidade inicial	
	Menor	Maior
CaCO ₃ – PRNT 100%	580	1.680
N	20	20
P ₂ O ₅	60	150
K ₂ O	60	100
Zn	2	2
Outros Micronutrientes (Fritas) ^a	30	60

^a FTE-BR10: 2,5% B; 0,1% Co; 1,0%Cu; 4,0% Fe; 4,0% Mn; 0,1% Mo e 7,0% Zn;

A calagem foi efetuada em setembro de 1991 com calcário dolomítico cujo PRNT original era 76,5%, com a incorporação na camada de 0 a 20 cm através de aração, seguida de gradagem. Os adubos foram aplicados no sulco de plantio por ocasião da semeadura em dezembro de 1991, exceto o nitrogenado aplicado em janeiro de 1992. Como fontes de nitrogênio, fósforo, potássio, zinco e outros

micronutrientes foram utilizados, respectivamente, nitrocálcio, superfosfato simples, cloreto de potássio, sulfato de zinco e FTE-BR10.

A saturação por bases (V%) estimada por cálculos para a camada de 0 a 20 cm de profundidade foi de 33,5% para a condição de fertilidade inicial menor e de 51,7 % para a condição de fertilidade inicial maior. Embora de uso generalizado atualmente, o critério de calagem com base na saturação por bases (V%) não era o adotado por ocasião das estimativas das necessidades de corretivos. Todavia, quando considerado na condição designada de Maior fertilidade, as projeções indicam valores de V (%) e de fertilizantes compatíveis com as recomendações de calagem e adubação para pastagens cultivadas com espécies exigentes a muito exigentes da região dos Cerrados (Vilela et al. 1998), porém inferiores às preconizadas por Werner et al. (1996) para o mesmo grupo de plantas. Vale salientar que as recomendações de calagem e adubação passaram por seguidas revisões e atualizações desde a concepção deste experimento.

Como tratava-se da etapa inicial do processo de introdução e avaliação de grande parte da coleção e dada a limitada oferta de sementes e materiais de propagação, as unidades experimentais foram linhas simples de 5 m (extensão útil 4,5 m), espaçadas em 1,5 m, dispostas num delineamento em blocos completos casualizados com duas repetições dos genótipos para cada condição de fertilidade inicial. Cada condição de fertilidade inicial (Menor, Maior) foi aplicada em áreas distintas, porém contíguas, abarcando dois blocos, de tal modo que espacialmente o conjunto das parcelas e blocos equivalia a dois experimentos com tratamentos (genótipos) comuns conduzidos simultaneamente em duas condições de fertilidade inicial.

A semeadura das parcelas foi efetuada em sulcos rasos (<2 cm), manualmente, em 6 de dezembro de 1991, com o equivalente a cerca de 3 kg/ha de sementes puras germináveis.

3.3. Manejo

Adubações de manutenção foram efetuadas anualmente, no início da estação chuvosa, com aplicação manual na linha de plantio do equivalente a 100 kg/ha da fórmula 10-10-10 (N-P₂O₅-K₂O) e 20 kg /ha N (nitrocálcio).

No decorrer do experimento a área experimental passou por capinas manuais para controle das invasoras. Não houve registro da ocorrência de danos causados por insetos sugadores ou mastigadores, bem como o registro de ataque severo de doenças.

As parcelas quando submetidas ao corte de uniformização tinham a forragem acumulada removida da área experimental.

3.4. Avaliações

As avaliações foram realizadas em 4 anos e envolveram duas fases e categorias de variáveis. Uma fase ligada ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem (FASE I), e outra ligada à fenologia reprodutiva e à produção de sementes (FASE II). As avaliações, em cada fase, estão discriminadas e apontadas no Quadro 1, bem como a época e a frequência que as mesmas foram efetuadas.

3.4.1. FASE I - Estabelecimento, produção de forragem e valor nutritivo

As avaliações estenderam-se por três anos e as desfolhações para fins de amostragem e uniformização, quando não especificadas, foram efetuadas manualmente com cutelo, cortando-se as plantas a 20 cm do nível do solo e efetuando-se a remoção completa da forragem acumulada das unidades experimentais.

Quadro 1. Distribuição por ano, estação e fase do experimento das atividades e das avaliações efetuadas numa coleção de genótipos de *Paspalum* spp. cultivada em duas condições de fertilidade inicial do solo. Planaltina-DF.

Atividades e avaliações - Anos e estações	1991		1992		1993		1994		1995		1996	
	S ^a	C ^a	S	C	S	C	S	C	S	C	S	
Preparo do solo	■											
Calagem	■											
Adubação de plantio ou de formação		■										
Semeadura		■										
Adubação de manutenção				■		■		■				■
Uniformização das parcelas			■	■	■	■	■	■	■			■
Fase I – Estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem												
Cobertura do solo			■									
Produção de massa seca - Estabelecimento		■										
Produção de massa seca - Estações Secas				■		■						
Produção de massa seca - Estações Chuvosas						■		■				
Componentes da massa seca na estação seca				■								
Vigor da rebrota estação chuvosa					■							
Teor de Proteína bruta na forragem					■							
Digestibilidade "in vitro" da matéria seca					■							
Fase II – Fenologia reprodutiva e produção de sementes												
Início, pico e final da emissão de inflorescências												■
Início, pico e final da colheita de sementes												■
Produção de espiguetas e sementes												■

^a Estações: S - Seca; C - Chuvosa

Em geral, as parcelas sofreram apenas duas desfolhações ao ano, uma ao final do período chuvoso (abril ou maio), seguida de corte de uniformização, e outra ao final da período seco (setembro ou outubro), também seguida de corte de uniformização. Com isso, os cortes de uniformização ao final de um período de crescimento determinavam o início do período de crescimento seguinte, com as estimativas de produção de forragem definidas pelo acúmulo de massa seca no período de crescimento livre da estação chuvosa ou seca. A exceção ocorreu quando as parcelas apresentavam plantas débeis e que não atingiam a altura do corte (20 cm), quando então eram poupadas da desfolha, inclusive de uniformização, e sua produção de forragem era considerada nula (valor zero).

Quando não discriminadas em detalhe, as avaliações de mesma natureza, que repetiram-se no tempo, ocorreram com o mesmo procedimento de avaliações em datas anteriores, conforme apresentado a seguir.

a) Ano 1 ou fase de estabelecimento (1991/1992 e 1992)

- COB-EST92 - Cobertura do solo (%) ao final da fase de estabelecimento – 1992 – avaliada por estimativa visual em campo casualizado, delimitado por moldura metálica quadrada com 0,5 m de lado. [Data da avaliação: 06/04/1992]
- MST-EST92 - Produção de Massa Seca Total (MST) ao final da fase de estabelecimento – 1992 – avaliada mediante corte manual, usando quadro de 1 x 1 m posicionado simetricamente na linha de plantio (parcela), cortando-se as plantas na altura de 20 cm do nível do solo. As amostras foram pesadas (peso verde), seguindo-se a retirada de subamostras que, após pesagem, eram acondicionadas em sacos de papel e submetidas à secagem em estufa de ventilação forçada, na temperatura de 65° C, por um período igual ou superior a 72 horas, após o que a amostra era pesada para a estimativa da massa seca acumulada por área no período. Não se efetuava a correção para

o teor de massa seca na temperatura de 105° C, dado o elevado número de amostras por avaliação (376 amostras). [Data da avaliação: 06/04/1992]

- MSS-SECA92 - Produção de Material Seco Senescido ao final da estação Seca 1992 – Na forragem amostrada (se amostras pequenas) ou subamostrada (se amostras grandes) eram separados os tecidos mortos dos tecidos vivos, seguindo para estes componentes da produção de forragem o mesmo procedimento descrito para a variável MST-EST92. [Data da avaliação: 23/09/1992]
- MVS-SECA92 - Produção de Material Verde Seco ao final da estação Seca 1992 – idem variável MSS-SECA92, considerando-se apenas os tecidos verdes ou vivos da forragem amostrada ou subamostrada. [Data da avaliação: 23/09/1992]
- MST-SECA92 - Produção de Massa Seca Total ao final da estação Seca 1992 – variável gerada pelo somatório de MSS-SECA92 e MVS-SECA92. [Data da avaliação: 23/09/1992]

b) Ano 2 (1992/1993 e 1993)

- MST-REB45 - Vigor da rebrota (kg MST/ha/45dias) no início da estação chuvosa - 1992/93 – Após 45 dias de crescimento livre, um segmento de 1 x 1 m da parcela era amostrado para estimativa da velocidade de acúmulo de forragem no início da estação chuvosa, conforme descrição apresentada para a MST-EST92, com o restante da parcela permanecendo em crescimento livre. [Data da avaliação: 04/12/1992]
- MST-CHUVA92/93 - Produção de Massa Seca Total (MST) ao final da estação chuvosa 1992/1993 – idem variável MST-EST92. [Data da avaliação: 13/04/1993]
- MST-SECA93 - Produção de Massa Seca Total (MST) ao final da estação Seca 1993 – idem variável MST-EST92. [Data da avaliação: 07/10/1993]

- PB-REB45 - Teor de proteína bruta (%) na rebrota do início da estação chuvosa 1992/93 – As duas amostras ou subamostras obtidas para estimativa da variável MST-REB45 de cada genótipo, após secagem a 65° C e pesagem, foram agrupadas por genótipo em cada condição de fertilidade inicial, gerando uma amostra composta, a qual foi moída em moinho de facas inox com peneira de malha igual a 1 mm. O material foi acondicionado em frascos de vidro e enviado para análise em laboratório para estimativa do teor de N nas amostras compostas pelo método Micro Kjeldahl, conforme descrito em Silva (1990). Os teores de N, expressos na massa seca a 105°C, foram multiplicados pelo fator 6,25 para expressão dos resultados como teor de proteína bruta (PB). [Data da avaliação: 04/12/1993]
- DIVMS-REB45 - Digestibilidade *In vitro* da massa seca (%) na rebrota do início da estação chuvosa 1992/93. Parte da amostra composta por genótipo, moída, utilizada para estimativa do teor de PB, foi submetida à análise da digestibilidade *in vitro* pelo Método de Tilley & Terry (1963), conforme descrito por Silva (1990). [Data da avaliação: 04/12/1993]

c) Ano 3 (1993-1994)

- MST-CHUVA93/94 - Produção de Massa Seca Total (MST) ao final da estação chuvosa 1993/1994 – idem variável MST-EST92 [Data da avaliação: 30/05/1994]

Ao término da estação chuvosa 1993/1994, as parcelas foram uniformizadas, permitindo-se o crescimento livre até novembro de 1994, sendo novamente uniformizadas, seguindo-se o manejo da adubação de manutenção [100 kg/ha da fórmula 10-10-10 (N-P₂O₅-K₂O) + 20 kg/ha de N-nitrocálcio], dando início à segunda e última fase do experimento (Fase II).

3.4.2. FASE II - Fenologia reprodutiva e produção de sementes

A estação chuvosa 1994/1995 destinou-se à colheita de sementes dos genótipos sobreviventes e também para a caracterização expedita da fenologia reprodutiva (até maio de 1995), a qual foi desconsiderada nesta tese por seu caráter não quantitativo.

Havendo a necessidade da caracterização quanto ao ciclo reprodutivo e ao potencial para produção de sementes na região, as parcelas permaneceram em crescimento livre na estação seca e até o início da estação chuvosa subsequente (novembro de 1995). Neste intervalo, foi efetuada nova amostragem de solo na camada de 0-20 cm para balizamento da adubação para o propósito de produção de sementes. Os resultados obtidos para cada condição de fertilidade inicial (menor e maior) estão contidos na Tabela 6. Verificou-se pela análise química de rotina que já não existiam diferenças entre as áreas nas duas condições de fertilidade inicial (menor ou maior).

O período de crescimento livre de desfolhas entre novembro de 1994 e novembro de 1995 coincidiu com um período de alta mortalidade das plantas. Não foi possível estabelecer uma relação de causa e efeito, mas a mortalidade prevaleceu nos genótipos com baixa ou nula produção de forragem em alguma das avaliações. Também deveu-se ao maior tempo de exposição às adversidades do clima, uma vez que a mortalidade não foi diferenciada entre os níveis de fertilidade inicial.

Assim, em decorrência da análise química do solo e por conta da mortalidade dos genótipos, considerou-se o solo entre os experimentos (área com menor e maior fertilidade inicial) como homogêneos. Procedido o inventário das parcelas uniformes, constatou-se que 46 genótipos (incluindo as testemunhas) apresentavam no mínimo 3 repetições para as estimativas da produção de sementes e do ciclo reprodutivo. Como uma das parcelas dos genótipos sobreviventes teve que ser utilizada com o propósito de fornecer amostras da parte

Tabela 6. Análise química em amostras de terra de um Latossolo Vermelho distrófico ao início (1991) e após quatro anos (1995) de cultivo com genótipos de *Paspalum* spp. estabelecidos em duas condições de fertilidade inicial (menor e maior) em 1991/1992. Planaltina, DF, Brasil.

Fertilidade inicial e Camada	pH		MO g/100g	P (Mehlich-1) mg/kg	K	Ca+Mg	Soma de Bases S cmol _c /dm ³	H+Al	Al	CTC Efetiva t	CTC Potencial (a pH 7,0) T	Satura- ção por Al - m %	Satura- ção por bases V
	H ₂ O	KCl											
1991													
0-20 cm	4,2		1,91	1,7	0,12	1,48	1,60	4,80	0,74	2,34	6,4	32	26
1995													
Menor													
0-20 cm	5,2	4,3	1,90	1,1	0,13	1,73	1,86	4,34	0,67	2,53	6,2	27	30
Maior													
0-20 cm	5,1	4,2	2,00	1,2	0,13	1,85	1,98	4,12	0,69	2,67	6,1	26	32

aérea para análises bromatológicas por pesquisadores do CIAT na Colômbia, definiu-se que a estrutura experimental a ser considerada nesta fase era a de um delineamento inteiramente casualizado com duas ou três repetições por tratamento (acesso/genótipo), conforme a disponibilidade de parcelas homogêneas e não falhadas.

Naquela ocasião não se considerou a possibilidade de falha na amostragem da área experimental como responsável por apontar o nivelamento da fertilidade inicial do solo. Todavia, não se deve desconsiderar essa possibilidade pois trata-se da explicação mais plausível para este comportamento. Uma vez que a adubação inicial foi efetuada na linha de plantio e pelas quantidades aplicadas inicialmente e na manutenção eram esperadas diferenças nos índices analíticos do solo, mesmo que de pequena magnitude, especialmente para o teor de fósforo e bases. A amostragem da área, procurando preservar as parcelas experimentais, teve as amostras simples contemplando em maior parte as entrelinhas, o que levou a subestimar a fertilidade das parcelas, nivelando-as. O fato da amostragem ter contemplado a profundidade 0-20 cm, também subestimou, pelo efeito de diluição, o provável acúmulo de nutrientes, nas camadas mais superficiais (0-5 cm), decorrente das adubações de manutenção.

Em 6 de novembro de 1995, após a uniformização com roçadeira motorizada costal, procedeu-se nova adubação (manual a lanço e localizada) das parcelas com o equivalente, em kg/ha, a 60 de N, 60 de K₂O e 20 P₂O₅, tendo como fontes, respectivamente, o nitrocálcio, o cloreto de potássio e o superfosfato simples. Na ocasião, os genótipos ainda não apresentavam inflorescências visíveis ou sinal de alongamento dos caules, embora já pudessem estar sob estímulo para o florescimento.

Em cada parcela, em paralelo à linha de plantas, foram fincadas duas estacas finas de madeira distanciadas de 2,0 m uma da outra para definir um trecho fixo de cada parcela no qual foi efetuada o acompanhamento das fases fenológicas reprodutivas e a avaliação da produção de sementes. Entre dezembro de 1995 e junho de 1996, semanalmente as parcelas foram visitadas para

definição das seguintes fases fenológicas (variáveis resposta): início do período de emissão das inflorescências (IEI), pico da emissão de inflorescências (PEI), final do período de emissão de inflorescências (FEI), início do período de colheita das hastes reprodutivas com sementes maduras (a rigor espiguetas e cariópses, doravante designados simplesmente como sementes) (IC), pico da colheita das sementes (PC) e final do período de colheita (FC) das sementes.

Em cada visita semanal à parcela, foram contadas manualmente as inflorescências emitidas e abertas (racemos expandidos) e as hastes com sementes maduras, as quais foram colhidas manualmente. As densidades instantâneas das inflorescências e suas variações entre semanas definiram os limites (início e final) e os picos (máxima densidade) dos períodos de emissão e colheita das sementes. Para caracterizar o início da emissão de inflorescências considerou-se a densidade de cinco inflorescências por metro quadrado. Para o início da colheita das sementes observou-se a mudança na coloração das espiguetas e dos cariópses, o endosperma firme e a facilidade de desprendimento ao toque, não sendo considerada uma densidade mínima de hastes com este perfil.

As hastes com sementes maduras, após contagem, eram cortadas com tesouras de poda logo acima da folha bandeira e agrupadas com aquelas das colheitas anteriores da mesma parcela em sacos de papel. A opção pelo corte das hastes e não a simples derrça das sementes em recipientes visou monitorar as eventuais degranadas ocorridas entre as visitas semanais, que felizmente foram de pequena magnitude. Ao se deparar com uma haste não cortada, porém com racemos desprovidos de sementes estava caracterizada a degrana e era feito o registro da mesma, procedendo-se o corte da haste.

O agrupamento por parcela das espiguetas e cariópses colhidos foi utilizado para a estimativa da variável denominada de sementes colhidas ou sementes aparentes (SEMCOL = espiguetas + cariópses), que após serem beneficiadas em sopradores para pequenas amostras, possibilitou a estimativa da produção de sementes puras (SEMPURA). Com base no número total de hastes

com espiguetas colhidas e na quantidade de semente produzidas por parcela, obteve-se a contribuição média de cada haste para a produção acumulada de sementes por parcela. Este valor médio, por haste reprodutiva de cada parcela, era aplicado ao número de hastes com registro de degrana da parcela, permitindo corrigir o total de sementes puras (SEMPURA), gerando uma nova variável, denominada sementes puras corrigidas (SEMPURAC), que indicou efetivamente a eficiência da produção de sementes.

Nesta fase do experimento, o regime hídrico foi inferior ao registrado pela série histórica (outubro/95 a julho/96 : 1.022 mm *versus* 1.468 mm)

Nas duas fases do experimento, puderam ser geradas outras variáveis pela combinação linear ou multiplicação destas variáveis medidas e descritas anteriormente, tais como a produção acumulada de forragem nas estações seca, chuvosa e fase de estabelecimento (MSTACUM), percentual de material senescido na forragem acumulada ao final da estação seca 1992 (PMSS-SECA92), produção acumulada nas duas estações secas (MST-SECA92+SECA93) e nas duas estações chuvosas (MST-CHUVA92/93 + CHUVA93/94), e intervalos entre o início e o pico da emissão de inflorescências (IEPE), entre o início e o final da emissão de inflorescências (IEFE), entre o pico da emissão e o final da emissão de inflorescências (PEFE), entre o início da emissão das inflorescências e o início da colheita (IEIC), entre o pico da emissão e o pico da colheita (PEPC), entre o início e o pico da colheita (ICPC), entre o início e final da colheita (ICFC).

3.5. Análise estatística dos dados

3.5.1. Análise de variância multivariada e univariada

Para cada fase do experimento (Fase I e Fase II), procedeu-se a análise de variância multivariada para o conjunto de variáveis medidas diretamente, excluindo da análise aquelas geradas pela combinação de outras variáveis (e.g. MST-SECA92+SECA93, MST-CHUVA92/93+CHUVA93/94, IEPE, ICFC, IEFE). Assim, na fase I foram consideradas as variáveis COB-EST92, MST-EST92, MVS-SECA92, MSS-SECA92, MST-SECA92, MST-SECA93, MST-REB45, MST-CHUVA92/93 e MST-CHUVA93/94, e na fase II as variáveis SEMCOL, SEMPURAC, IEI, PEI, FEI, IC, PC e FC.

Na fase I (descrita em 3.4.1), inicialmente foram consideradas como causas de variação controladas os efeitos da fertilidade inicial (fertilidade – Menor e Maior), de genótipos e da interação fertilidade inicial x genótipo, enquanto que na fase II (descrita em 3.4.2) considerou-se apenas o efeito de genótipo. Além dos efeitos destas causas de variação apresentadas, fez-se também a análise do efeito de dois contrastes: Contraste 1 - genótipos de *Paspalum* spp. vs. Testemunhas de outros gêneros; Contraste 2 – *Paspalum atratum* cv. Pojuca vs. Demais genótipos de *Paspalum* spp. Posteriormente, as estimativas para os efeitos de genótipo (nas fases I e II) e da sua interação com a fertilidade inicial (na fase I) foram desconsiderados por conta do número de repetições ou observações por fator ou causa de variação ser menor que o número de variáveis consideradas na análise (Hair Jr. et al., 1995). Então, o efeito de genótipo ficou caracterizado apenas, de forma aproximada, com a análise dos contrastes entre os genótipos de *Paspalum* spp. e os genótipos testemunhas. No entanto, para caracterizar algum efeito da interação genótipo x fertilidade inicial e da fertilidade inicial na fase I, uma nova análise para estimativa aproximada destes efeitos foi efetuada considerando a existência de apenas dois grupos de genótipos (*Paspalum* spp. e demais genótipos). Com isso, ampliou-se o número de observações para as novas causas de variação consideradas (grupo de genótipo; fertilidade inicial; interação grupo de genótipo x fertilidade inicial), respeitando-se a estrutura espacial original do delineamento. As estimativas desses efeitos foram conservadoras, pois ao considerar apenas dois grupos de genótipos, e dada a

variabilidade da coleção, tem-se maior dispersão da média e mais difícil é a superação do nível crítico de significância considerado (P alfa = 0,05). O teste multivariado adotado foi o critério de Pillai (Pillai's Trace) por ser mais adequado para variáveis com número diferente de observações e por ser mais robusto às violações dos pressupostos ou requisitos da análise (Hair Jr. et al., 1995).

Para as variáveis avaliadas na fase I, exceto para o teor de proteína bruta (PB-REB45) e para a digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS-REB45), procedeu-se a análise de variância univariada, adotando-se o seguinte modelo matemático :

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + F_j + (GF)_{ij} + B_{k(j)} + e_{ijk},$$

No qual:

Y_{ijk} = valor registrado (fenotípico) pela variável Y no genótipo (G) i , na condição de fertilidade inicial (F) j , no bloco (B) k ;

μ = média geral da variável Y ;

G_i = efeito fixo do genótipo i ;

F_j = efeito fixo da fertilidade inicial j ;

$(GF)_{ij}$ = efeito da interação genótipo x fertilidade

$B_{k(j)}$ = efeito aleatório de bloco ou repetição k dentro da condição de fertilidade inicial j ;

e_{ijk} = erro experimental associado à observação Y_{ijk} ;

As esperanças dos quadrados médios foram calculadas segundo Venkovsky & Barriga (1992), em analogia à uma análise conjunta de dois experimentos em que eram fixos os efeitos de genótipos e do local do experimento (fertilidade inicial maior e menor).

Para as variáveis estimadas na fase II (geradas ou não), adotou-se o seguinte modelo matemático :

$$Y_{ij} = \mu + G_i + e_{ij},$$

No qual:

Y_{ij} = valor registrado (fenotípico) pela variável Y no genótipo (G) i na repetição j;

μ = média geral da variável Y;

G_i = efeito fixo do genótipo i;

e_{ij} = erro experimental associado à observação Y_{ij} ;

Para todas as fases e variáveis experimentais também foram testados os seguintes contrastes univariados:

Contraste 1 - genótipos de *Paspalum* spp. vs. Testemunhas de outros gêneros;

Contraste 2 – *Paspalum atratum* cv. Pojuca vs. Demais genótipos de *Paspalum* spp.

Embora pouco pertinentes, dado o número de comparações para cada variável, executaram-se comparações múltiplas dos genótipos em cada condição de fertilidade inicial, através do teste de Tukey (P alfa =0,05).

A análise de variância multivariada, univariada e as comparações múltiplas foram efetuadas através do procedimento GLM do SAS® (SAS Institute Inc., 1993; Littell et al., 1993).

As variáveis ligadas à produção de forragem (MST-EST92, MST-SECA92, MST-SECA93, MST-CHUVA92/93, MST-CHUVA93/94) representaram medidas repetidas no tempo. Em função disso, procedeu-se a análise multivariada univariada dos efeitos da época de avaliação com o comando REPEATED e a

opção PROFILE do procedimento GLM do SAS® (SAS Institute Inc., 1993). A opção PROFILE testou contrastes entre a média da variável resposta (produção de forragem) num dado tempo (avaliação) com a média da variável no tempo (avaliação) subsequente e adjacente, bem como o efeito da interação desses contrastes (diferenças entre as avaliações) com as causas de variação controladas (genótipo, fertilidade inicial, genótipo x fertilidade inicial). Para que os contrastes entre médias adjacentes contemplassem a repetição de ano para uma dada estação, as avaliações foram ordenadas, alterando-se a ordem cronológica, da seguinte forma: avaliação 1 – fase de estabelecimento; avaliação 2- estação seca 1992; avaliação 3 – estação seca 1993; avaliação 4 – estação chuvosa 1992/93 e avaliação 5 – estação chuvosa 1993/94.

3.5.2. Análise de componentes principais e análise de agrupamentos

Dado o elevado número de genótipos que compõem a coleção e o conjunto das variáveis resposta avaliadas, também foram adotados métodos multivariados com propósitos exploratórios, descritivos e de síntese da variabilidade fenotípica da coleção (variação entre genótipos). Neste conjunto de análises descritas a seguir, os dados trabalhados foram as médias por genótipo de cada variável.

Inicialmente utilizou-se a análise de componentes principais (ACP) para identificação das variáveis com maior poder de discriminação na coleção, bem como as variáveis cujo descarte ou a não medição da mesma, no âmbito da coleção, não implicaria grandes perdas na caracterização do perfil de resposta da coleção, seja porque estas variáveis pouco contribuíram para a expressão da variabilidade fenotípica da coleção ou porque encontravam-se altamente correlacionadas com outras variáveis, sendo redundantes. Nesta análise as médias por genótipo para cada variável foram padronizadas, dividindo-as pelo desvio padrão da média dos genótipos, eliminando-se assim os efeitos das diferentes escalas e unidades de medida das variáveis consideradas, porém

homogeneizando as variâncias, com alguma perda no perfil original da variabilidade.

A ACP foi efetuada para as informações obtidas em cada fase do experimento (fase I e fase II), sendo que na fase I (descrita em 3.4.1), a análise foi efetuada em cada condição de fertilidade inicial. As variáveis medidas na fase I e utilizadas na ACP foram: COB-EST92, MST-EST92, MSS-SECA92, MVS-SECA92, MST-SECA92, MST-REB45, MST-CHUVA92/93, MST-SECA93, PB-REB45, DIVMS-REB45, MST-CHUVA93/94 e a variável gerada PMSS-SECA92. Para a fase II (descrita em 3.4.2), as variáveis consideradas na ACP foram: IEI, PEI, FEI, IC, PC, FC, SEMCOL e SEMPURAC. Evitou-se o uso de variáveis geradas, principalmente as decorrentes da combinação linear simples de outras variáveis porque inviabilizavam as estimativas dos coeficientes dos componentes principais, por serem quase que totalmente redundantes pela forma como foram originadas (soma, multiplicação, divisão).

Como critério para sugestão de descarte das variáveis na ACP, adotou-se a verificação das variáveis com maior coeficiente de ponderação em cada componente principal, iniciando a averiguação pelos componentes principais com menor expressão da variância (autovalor - *eigenvalue*) fenotípica, restringindo-se aqueles cujos autovalores fossem inferiores a 0,7 unidades de variância (variáveis padronizadas), conforme um dos critérios apresentados por Jolliffe (1972; 1973).

Considerou-se que a coleção poderia ter a sua variabilidade ainda bem representada quando o conjunto dos primeiros componentes principais (autovalores) exprimissem mais de 80% da variância da coleção, ou seja, o conjunto de dados original seria expresso numa menor dimensão (menor número de “variáveis”, no caso cada componente principal) carregando grande parte da variabilidade fenotípica original.

As mesmas variáveis utilizadas nas análises de componentes principais foram utilizadas em análises de agrupamentos, sendo que desta feita as médias por genótipo foram padronizadas subtraindo-se a média da coleção e o resultado dividido pelo desvio padrão da variável, passando cada variável padronizada a

apresentar média geral igual a zero e variância igual a um (normalizadas), com todas as variáveis passando a ter a mesma importância relativa, uma vez que as variâncias foram niveladas. Porém, superou-se a limitação decorrente das diferenças entre unidades e escalas das variáveis analisadas (i.e., cobertura do solo em % e produção de forragem em kg/ha) que poderiam gerar distorções no emprego da técnica.

A análise de agrupamentos visou reunir os genótipos distribuindo-os em grupos, procurando assegurar a homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre os grupos para o conjunto de variáveis consideradas. Optou-se pelo método seqüencial, hierárquico e aglomerativo denominado método das distâncias médias não ponderadas (UPGMA - Unweighted Pair-Group Mean Average), tendo como medida da similaridade a distância Euclideana Simples entre os genótipos ou grupos, com base no conjunto de variáveis consideradas.

Para estabelecer o ponto de parada para a formação dos grupos, procurou-se adotar como critério a análise do gráfico das distâncias euclidianas para identificar o momento em que as fusões passaram a ocorrer entre grupos originalmente muito distantes, como preconizado por muitos autores (Manly, 1997; Everitt, 1995; Hair Jr. et al., 1995).

As análises de componentes principais e de agrupamentos foram efetuadas com o auxílio do Software STATISTICA (StatSoft, 1996).

3.5.3. Análise de adaptação e estabilidade na produção de forragem

A adaptação dos genótipos foi avaliada com base na análise da variação na produção de forragem em várias condições ambientais, integrando-se a análise de variância com a análise de regressão. Foram considerados como ambientes distintos as combinações entre as cinco épocas em que ocorreram as avaliações para a produção de forragem (MS-ESTAB92, MST-SECA92, MST-

CHUVA92/93, MST-SECA93, MST-CHUVA93/94) e as duas condições de fertilidade inicial (maior e menor), perfazendo 10 ambientes (sentido amplo) que cobriram as variações entre estações, anos e condições de fertilidade inicial.

Nessa análise a produção de forragem foi a variável dependente em modelos de regressão em que a variável independente foi um índice ambiental (A_j), cujos coeficientes da regressão representaram a taxa de variação na produção de forragem face às variações no ambiente, sendo o principal parâmetro objeto de interpretação na análise. Adotou-se o método proposto por Cruz et al. (1989) em que a regressão é do tipo bissegmentada, com um dos segmentos correspondendo à resposta do genótipo aos ambientes tidos como desfavoráveis e o outro segmento aos ambientes tidos como favoráveis.

Assim, o índice codificado para um dado ambiente (A_j) foi obtido pela média geral da produção de forragem do conjunto dos genótipos neste ambiente subtraída da média geral da produção de forragem do conjunto dos genótipos quando considerados todos os dez ambientes. Quando o valor de A_j foi maior que zero, o ambiente foi definido como favorável, caso contrário (menor que zero) o ambiente foi tido como desfavorável.

No método proposto por Cruz et al. (1989), o modelo de regressão do tipo bissegmentada pode ser expressado como:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}.A_j + \beta_{2i}.T.(A_j) + S_{ij} + E_{ij},$$

No qual:

Y_{ij} = média da produção de forragem do genótipo i no ambiente j ;

β_{0i} = intercepto ou constante de regressão que representará a média da produção de forragem do genótipo i quando considerados todos os ambientes (favoráveis e desfavoráveis).

β_{1i} = coeficiente de regressão linear para a produção de forragem do genótipo i nos ambientes desfavoráveis;

$\beta_{1i} + \beta_{2i}$ = taxa de resposta na produção de forragem do genótipo i nos ambientes favoráveis;

A_j = diferença entre a média da produção de forragem dos genótipos no ambiente j e a média da produção de forragem dos genótipos em todos os ambientes j .

$T.(A_j) = 0$ se $A_j < 0$

$T.(A_j) = A_j - X_{A_jp}$, se $A_j > 0$, sendo que X_{A_jp} corresponde à média dos índices A_j positivos.

S_{ij} = desvios da regressão, que guardará relação inversa com o grau de estabilidade dos genótipos, estando associado com o grau de previsibilidade na expressão do potencial de produção num dado ambiente.

E_{ij} = erro experimental médio.

Os coeficientes β_{0i} , β_{1i} , β_{2i} e $\beta_{1i} + \beta_{2i}$, doravante serão denominados, para cada genótipo, simplesmente B_0 , B_1 , B_2 e $B_1 + B_2$, respectivamente.

O erro experimental médio utilizado nos testes das hipóteses ligadas aos parâmetros B_0 , B_1 , e S_{ij} das equações de cada genótipo foi obtido estruturando-se a análise de variância à semelhança de uma análise conjunta de 10 experimentos (combinação de 5 épocas de avaliação com duas condições de fertilidade inicial do solo) com tratamentos comuns (genótipos). Nessa análise foram consideradas como causas de variação da produção de forragem, os efeitos de bloco dentro de ambientes, o efeito de genótipo, o efeito de ambiente e a interação genótipo-ambiente, de modo semelhante ao descrito no item 3.5.1 e proposto por Venkovsky & Barriga (1992).

A análise de variância foi efetuada adotando-se o procedimento GLM e os parâmetros das equações estimados pelos procedimentos REG e GLM do SAS® (SAS Institute Inc., 1993), com os parâmetros das equações de regressão tiveram

sua significância estatística avaliada pelo teste F (Freund & Littell, 1992; Littell et al., 1993).

Com as estimativas, para cada genótipo, dos parâmetros ligados à adaptação [B0 (média da produção de forragem em todos os ambientes – favoráveis e desfavoráveis), B1 (taxa de resposta nos ambientes desfavoráveis), B1+B2 (taxa de resposta nos ambientes favoráveis)] e à estabilidade [Sij], também foram incorporadas a média de produção de forragem nos ambientes favoráveis e a média de produção de forragem nos ambientes desfavoráveis, como informações complementares à análise. Então, o conjunto desses parâmetros e das médias foi submetido à análise de agrupamentos, com os mesmos procedimentos e critérios apresentados no item 3.5.2.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliações da fase de estabelecimento, da produção e do valor nutritivo da forragem

Nesta fase, a coleção de gramíneas foi constituída por 88 genótipos, uma vez que os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-008958, BRA-011207, BRA-011355, BRA-014826, BE Hib apomítico e BE Hib sexual não se estabeleceram ou não sobreviveram à primeira estação seca (1992).

4.1.1. Análise de variância multivariada

Na coleção verificaram-se efeitos significativos ($P < 0,01$) para os contrastes multivariados entre genótipos do gênero *Paspalum* e genótipos dos demais gêneros (*Brachiaria*, *Panicum* e *Andropogon*), entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e os demais genótipos do gênero *Paspalum*. Também foram observados efeitos significativos para a condição de fertilidade inicial e para a interação grupo de genótipo x fertilidade inicial (Tabela 7). Com isso, para o detalhamento das respostas, as demais análises foram efetuadas com base em métodos univariados ou multivariados considerando-se a possível resposta diferenciada dos genótipos em cada condição de fertilidade inicial (efeito da interação).

Tabela 7. Análise de variância multivariada para um conjunto de variáveis¹ ligadas à fase de estabelecimento e à produção de forragem para grupos de genótipos avaliados no âmbito dos Cerrados em duas condições de fertilidade inicial do solo (Fertilidade). Grupos de genótipos: a - *Paspalum* spp.; b - Demais gêneros: testemunhas dos gêneros *Andropogon*, *Brachiaria* e *Panicum*.

Causa de variação ²	Valores Teste Pillai's Trace	Valor para aproximação de F	GL (Numerador e Denominador)		Prob >F
Fertilidade inicial	0,2957	10,64	9	228	0,0001
Grupos de genótipos*Fertilidade	0,1163	4,17	9	285	0,0001
Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	0,8884	99,98	9	113	0,0001
Contraste <i>P. atratum</i> cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	0,4049	8,54	9	113	0,0001

¹ COB-EST92, MST-EST92, MVS-SECA92, MSS-SECA92, MST-SECA92, MST-SECA93, MST-REB45, MST-CHUVA92/93 e MST-CHUVA93/94

² O efeito de genótipo e da interação genótipo x fertilidade não foi considerado por conta do número de observações e ou repetições ser inferior ao número de variáveis consideradas na análise.

As primeiras indicações acerca da variabilidade reunida na coleção foram os contrastes multivariados significativos ($P < 0,05$) entre *Paspalum* spp. e as testemunhas, entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e os demais genótipos de *Paspalum* spp., bem como as repostas diferenciadas dos genótipos às duas condições de fertilidade adotadas, apontadas pela interação significativa ($P < 0,01$) entre a condição inicial de fertilidade e os dois grandes grupos de genótipos (*Paspalum* e Testemunhas) (Tabela 7). Portanto, havendo a possibilidade de se exercer pressão de seleção na coleção para a produção de forragem e valor nutritivo, visando a indicação dos genótipos superiores em cada condição de fertilidade inicial do solo.

4.1.2. Análise de medidas repetidas no tempo, análise de variância univariada e estatísticas descritivas

4.1.2.A. Medidas da produção de forragem repetidas no tempo

Tanto a análise de variância multivariada como a análise de variância univariada com graus de liberdade ajustados para medidas repetidas no tempo indicaram efeitos significativos ($P < 0,01$) para a época de avaliação e para as interações entre avaliação x fertilidade inicial, avaliação x genótipo e avaliação x fertilidade inicial x genótipo (Tabelas 8 e 9). As Figuras 1, 2 e 3 ilustram o comportamento da coleção genótipos registrado ao longo das avaliações quando considerada a condição de fertilidade inicial do solo, o gênero da gramínea e o gênero da gramínea em cada condição de fertilidade inicial do solo, respectivamente. Para comparações entre as avaliações (fases ou estações), na Tabela 10 são apresentados os contrastes e suas significâncias estatísticas entre as avaliações e suas interações com as causas de variação genótipo e fertilidade inicial.

Tabela 8. Análise de variância multivariada para medidas da produção de forragem repetidas no tempo (avaliações) numa coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de outras gramíneas avaliadas no âmbito dos Cerrados em duas condições de fertilidade inicial do solo (fertilidade).

Causa de variação	Valores Teste Pillai's Trace	Valor para aproximação de F	GL (Numerador e Denominador)		Prob >F
Avaliação ¹	0,953	602,95	4	118	0,0001
Avaliação*Rep(Fertilidade)	0,169	2,75	8	238	0,0064
Avaliação*Fertilidade	0,641	52,62	4	118	0,0001
Avaliação*Genótipo	3,060	4,52	348	484	0,0001
Avaliação*Fertilidade*Genótipo	2,131	1,60	344	484	0,0001

¹Avaliações: estabelecimento (1992), seca (1992 e 1993) e chuvosa (1992/93 e 1993/94)

Tabela 9. Análise de variância univariada (ANOVA) convencional e com ajustes segundo os critérios G-G e H-F para causas de variação envolvendo o fator época de avaliação¹ (fase ou estação) como medida repetida no tempo da produção de forragem numa coleção de genótipos de *Paspalum* spp. avaliada no âmbito dos Cerrados em duas condições de fertilidade inicial do solo (fertilidade).

Causa de Variação	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	Valor F	Prob > F	Prob > F Ajustada Critério G-G	Prob > F Ajustada Critério H-F
Avaliação ¹	4	3.756.112.247	1.388,32	0,0001	0,0001	0,0001
Avaliação*rep(Fertilidade)	8	4.105.134	1,52	0,1484	0,1945	0,1484
Avaliação*Fertilidade	4	172.528.590	42,03	0,0001	-	-
Avaliação*Genótipo	348	36.628.644	13,54	0,0001	0,0001	0,0001
Avaliação*Fertilidade*Genótipo	344	5.338.263	1,97	0,0001	0,0001	0,0001
Erro(avaliação)	484	2.705.505	-			

¹ Avaliações: estabelecimento (1992), seca (1992 e 1993) e chuvosa (1992/93 e 1993/94). Ajustes G-G e H-F atenuam falta de simetria ou esfericidade na matriz de variâncias e covariâncias, quase sempre inerentes a medidas correlacionadas, como as repetidas no tempo na mesma unidade amostral.

Quando considerados os contrastes entre medidas adjacentes da produção de forragem (Tabela 10) e como causa de variação a média (de genótipos e de condições de fertilidade), todos os contrastes mostraram-se significativos ($P < 0,01$). Verificou-se que, em média, a produção de massa seca total (MST) da parte aérea na fase de estabelecimento (2,1 t/ha) foi maior que a registrada na época seca 1992 (1,7 t/ha), que foi superior àquela da época seca 1993 (0,7 t/ha). Já a produção obtida na estação chuvosa 1992/93 (9,0t/ha) superou as produções de forragem obtidas nas estação seca 1993 (0,7 t/ha) e na estação chuvosa 1993/94 (7,2 t/ha) (Figura 1), caracterizando a diferença de comportamento entre as estações (estacionalidade da produção de forragem), anos e estágios de desenvolvimento da pastagem.

Não se observou efeito significativo ($P > 0,05$) da fertilidade inicial e da interação fertilidade inicial x genótipo no confronto entre a produção de forragem na estação seca 1992 e a produção na estação seca 1993 (contraste #2 - seca

1992 versus seca 1993) (Tabela 10 e Figuras 1 e 3), sendo significativo ($P < 0,01$) os efeitos da época de avaliação e da interação entre o genótipo e a época de avaliação. Todos os demais contrastes entre as avaliações, listados na Tabela 10, foram significativos ($P < 0,05$) para todas as causas de variação controladas (fertilidade inicial, genótipo e interação genótipo x fertilidade inicial).

Na Figura 1, verifica-se o efeito da condição de fertilidade inicial maior sobre as diferenças na produção de forragem entre as avaliações. Observa-se que as diferenças entre as estações ou avaliações foram de maior magnitude na condição de fertilidade inicial maior, principalmente para o contraste entre a estação chuvosa 1992/93 e a estação chuvosa 1993/94 (contraste #4).

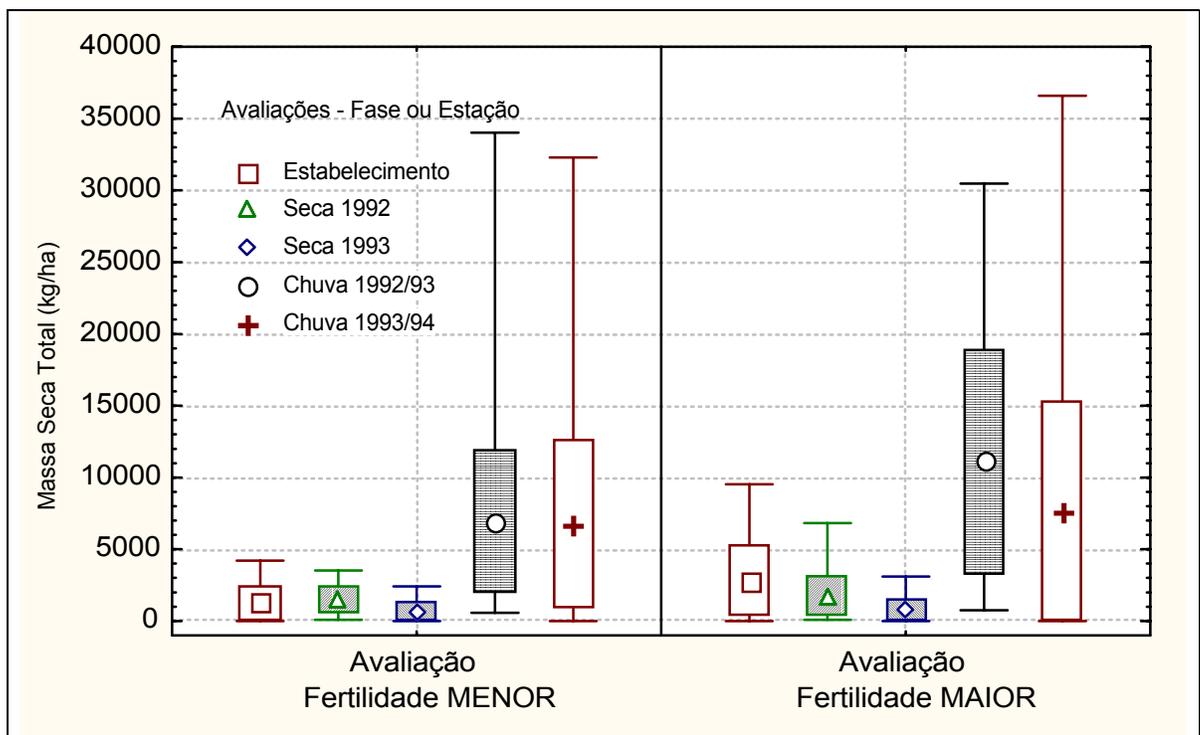


Figura 1. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por condição de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) em cada época de avaliação (fase ou estação) de uma coleção de genótipos do gênero *Paspalum* (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*). Símbolos indicam a média da coleção, as caixas indicam limites para a média da coleção \pm desvio padrão das médias dos genótipos e as linhas horizontais os valores mínimo e máximo registrados pelas médias dos genótipos em cada variável.

Na Figura 2, com base nas médias para os gêneros, observa-se parte do efeito de genótipo sobre a variação da produção de forragem entre as avaliações ou estações. As médias dos contrastes entre as avaliações foram menores nas gramíneas do gênero *Paspalum*, sendo que as produções de forragem alcançadas pelas gramíneas do gênero *Paspalum* foram, em média, menores que as registradas pelas gramíneas de outros gêneros, principalmente nas estações chuvosas e na fase de estabelecimento. Apesar da menor magnitude, o efeito de genótipo também se manifestou no contraste entre as duas estações secas (1992 e 1993).

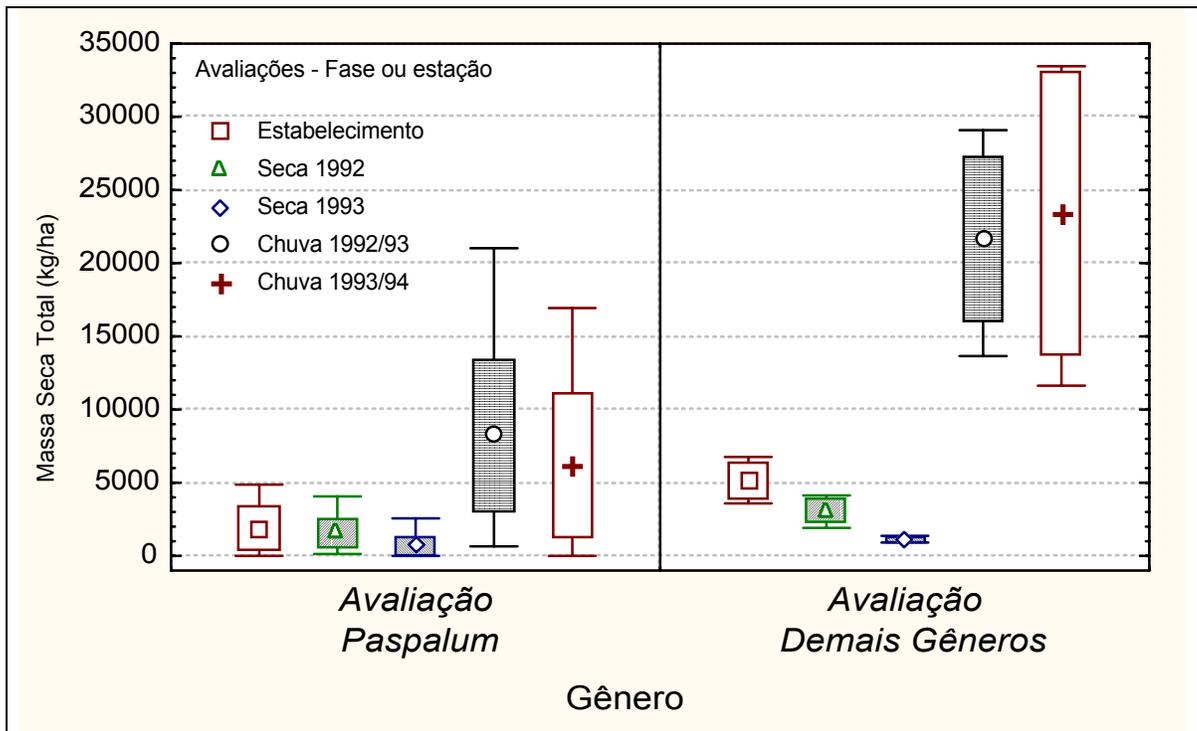


Figura 2. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de gramíneas do gênero *Paspalum* (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) em cada época de avaliação (fase ou estação). Média da coleção para duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior). Símbolos indicam a média da coleção, as caixas indicam limites para a média da coleção \pm desvio padrão das médias dos genótipos e as linhas horizontais os valores mínimo e máximo registrados pelas médias dos genótipos em cada variável.

Na Figura 3 é ilustrado o efeito da interação genótipo x fertilidade inicial sobre os contrastes entre as épocas de avaliação. Pôde-se verificar que, em média, ocorreram maiores diferenças em *Paspalum* spp. entre as estações chuvosas (contraste #4) nas avaliações efetuadas na condição de fertilidade inicial maior. Por sua vez, as menores diferenças entre as avaliações ocorreram na condição de fertilidade inicial menor para *Paspalum* spp.. Na condição de fertilidade inicial menor, o contraste #1, entre a produção de forragem na fase de estabelecimento e a produção na estação seca 1992, foi de pequena magnitude como consequência da baixa ou nula produção de forragem em muitos genótipos na fase de estabelecimento.

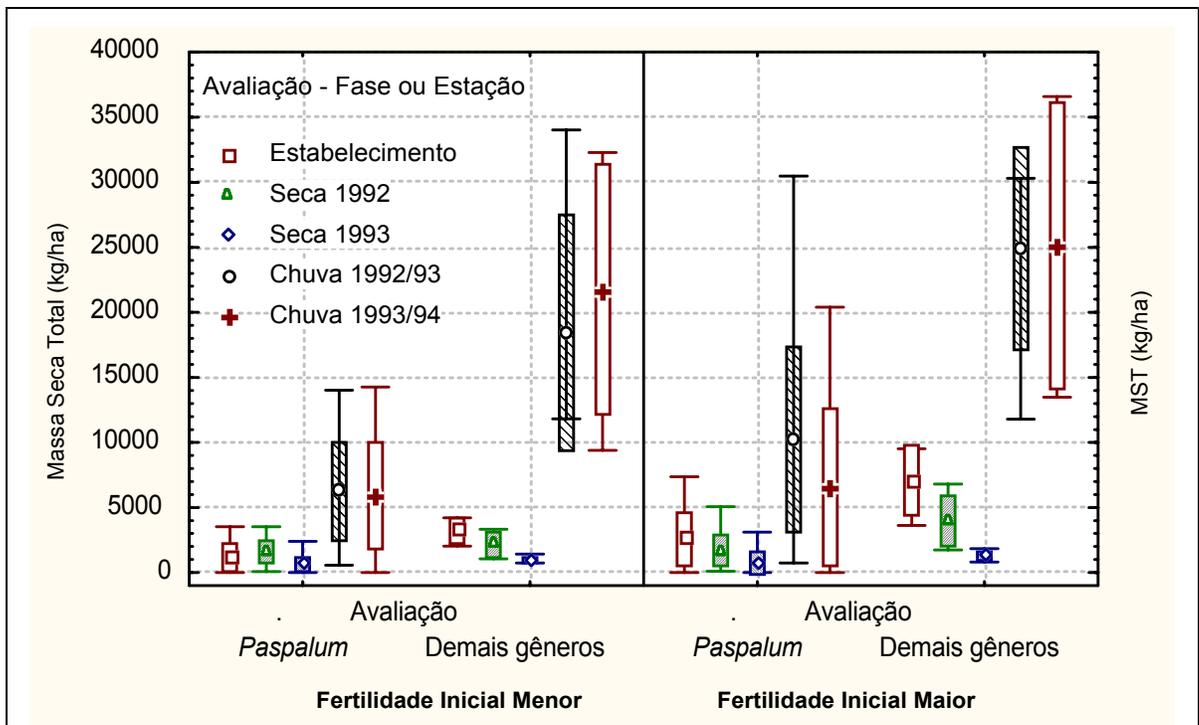


Figura 3. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) em cada época de avaliação (fase ou estação) em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados. Símbolos indicam a média da coleção, as caixas indicam limites para a média da coleção \pm desvio padrão das médias dos genótipos e as linhas horizontais os valores mínimo e máximo registrados pelas médias dos genótipos em cada variável.

Tabela 10. Análise de contrastes entre medidas repetidas adjacentes para a produção de matéria seca total (MST) (parte aérea >20cm) numa coleção de genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliados no âmbito dos Cerrados em duas condições de fertilidade inicial do solo (fertilidade).

Contraste #N = Avaliação i x Avaliação i+1 representa a n-ésima diferença entre avaliações sucessivas	Causa de Variação	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	Valor F	Prob > F
Contraste #1 - MST-EST92 vs. MST-SECA92	Média	1	35.959.523	34,29	0,0001
Contraste #1 - MST-EST92 vs. MST-SECA92	Fertilidade	1	127.891.503	24,23	0,0389
Contraste #1 - MST-EST92 vs. MST-SECA92	Genótipo	87	10.119.051	9,65	0,0001
Contraste #1 - MST-EST92 vs. MST-SECA92	Fertilidade*Genótipo	86	1.796.934	1,71	0,0032
Contraste #2 - MST-SECA92 vs. MST-SECA93	Média	1	225.479.839	366,69	0,0001
Contraste #2 - MST-SECA92 vs. MST-SECA93	Fertilidade	1	708.626	1,61	0,3326
Contraste #2 - MST-SECA92 vs. MST-SECA93	Genótipo	87	1.594.244	2,59	0,0001
Contraste #2 - MST-SECA92 vs. MST-SECA93	Fertilidade*Genótipo	86	726.931	1,18	0,1972
Contraste #3 - MST-SECA93 vs. MST-CHUVA92/93	Média	1	18.373.846.927	2107,54	0,0001
Contraste #3 - MST-SECA93 vs. MST-CHUVA92/93	Fertilidade	1	1.037.024.080	429,43	0,0023
Contraste #3 - MST-SECA93 vs. MST-CHUVA92/93	Genótipo	87	113.778.139	13,05	0,0001
Contraste #3 - MST-SECA93 vs. MST-CHUVA92/93	Fertilidade*Genótipo	86	21.484.386	2,46	0,0001
Contraste #4 - MST-CHUVA92/93 vs. MST-CHUVA93/94	Média	1	784.462.360	116,16	0,0001
Contraste #4 - MST-CHUVA92/93 vs. MST-CHUVA93/94	Fertilidade	1	639.639.769	27,20	0,0349
Contraste #4 - MST-CHUVA92/93 vs. MST-CHUVA93/94	Genótipo	87	30.867.845	4,57	0,0001
Contraste #4 - MST-CHUVA92/93 vs. MST-CHUVA93/94	Fertilidade*Genótipo	86	11.231.819	1,66	0,0050

A ordem cronológica das avaliações estações foi alterada para geração de contrastes de interesse. Ordenação: 1-Estabelecimento; 2-Seca 1992; 3-Seca 1993; 4- Chuva 1992/93 e 5- Chuva 1993/94. Causa de variação Média implica teste do contraste para a média de todas as causas de variação controladas (perfil médio de resposta). Nas demais causas de variação, é testado o paralelismo dos perfis em cada nível da causa de variação, ou seja, a ausência de interação entre o contraste e a causa de variação controlada. SAS Comando REPEATED opção PROFILE.

Para as testemunhas, a média das diferenças entre avaliações foram mais marcantes entre as estações chuvosas (contraste #4) na condição de fertilidade inicial menor. Já na condição de fertilidade inicial maior, as diferenças foram maiores entre a fase de estabelecimento e a estação seca 1992 (contraste #1).

Ocorreram diferenças esperadas entre as avaliações para a produção de forragem nas diferentes estações. Todavia, essas diferenças estiveram condicionadas pelos genótipos e/ou pelas condições de fertilidade inicial (Figura 1, 2 e 3). A magnitude da resposta produtiva da coleção, apesar de elevada nos genótipos com melhor performance, poderia ser superior em ambas as condições de fertilidade. Pois, exceto no primeiro ano para a fase de estabelecimento e para a estação seca de 1992, em todos os demais períodos de crescimento considerados (águas e secas), o regime hídrico situou-se sempre abaixo da média histórica (72 a 92% do normal). Esse comportamento (déficit) do regime hídrico, como se repetiu nas sucessivas estações, permitiu uma severa e prolongada exposição aos rigores do clima, ampliando a pressão de seleção sobre os genótipos. Também afetou a resposta produtiva, na estação chuvosa e na estação seca, quando a condição de fertilidade inicial foi maior. A diferença entre a produção de forragem na estação seca 1992 e a produção na estação seca 1993 não foi afetada pela condição de fertilidade inicial (Figura 1), mas tão somente pela variação entre anos, ao contrário de todas as demais comparações entre as estações.

Restrições na disponibilidade de fatores ambientais (solo e clima) para o crescimento da planta forrageira influenciam na variação estacional na produção de forragem. Neste experimento, a fertilidade inicial do solo acentuou as diferenças absolutas entre as estações secas e chuvosas (Figura 1), principalmente nas gramíneas testemunhas (Figura 3). Em média, para a coleção, a fertilidade inicial maior elevou a produção de forragem nas estações secas e chuvosas em 10 % e em 38 %, respectivamente, em relação à condição de fertilidade inicial menor. Assim, verificou-se a extensão para o período das secas

dos benefícios da fertilidade inicial maior, porém com limitações por conta da restrição hídrica e térmica. Esse comportamento foi reportado por Werner (1986), que apontou a adubação de pastagens como instrumento para modulação da resposta produtiva na estação chuvosa e na estação seca, se usada estrategicamente. Vilela et al. (1992) obtiveram incrementos da ordem de 32 % na produção de massa seca de gramíneas no Cerrado com o aumento de 50 para 150 kg/ha de P_2O_5 na dose de adubo fosfatado aplicado no plantio, associado com a prática da calagem prévia.

Os genótipos de *Paspalum* spp., em média, mostraram-se menos produtivos e menos responsivos (em termos absolutos) à melhoria na condição de fertilidade e foram menos afetados pela condição de fertilidade inicial. Dada a baixa produção de forragem, os genótipos de *Paspalum* spp. também apresentaram menor variação entre anos para a produção de forragem numa dada estação (seca ou chuvosa) na condição de fertilidade inicial menor. Em Tergas & Sánchez (1979) e em Pizarro (1992), há inúmeros registros da resposta diferenciada de genótipos de gramíneas forrageiras ao clima e aos solos tropicais.

Pôde-se observar que a estacionalidade na produção de forragem foi mais elevada nos genótipos testemunhas, nos quais apenas $9,4 \pm 3,7$ % do total produzido anualmente ocorreu na estação seca, em média. Em *Paspalum* spp. $15,7 \pm 10,1$ % da produção anual ocorreu na estação seca, em média. A condição de fertilidade inicial pouco afetou (cerca de 3% de variação) esse padrão de resposta, acentuando em *Paspalum* spp. e atenuando nos demais gêneros. A amplitude de variação na coleção foi de 4 a 33 % de concentração da produção na estação seca. Porém os genótipos com menor estacionalidade apresentaram baixas produções de forragem na estação chuvosa. Entre as testemunhas, a amplitude de variação foi de 5 a 14 % e em *Paspalum* spp. foi de 4 a 33 %, havendo a possibilidade de se ter algum ganho com o processo de seleção. Em experimento seguindo a mesma metodologia, o *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu na estação seca apenas 7 % do total anual (Pizarro & Carvalho, 1992). Os valores observados na coleção situaram-se abaixo dos obtidos com genótipos

de *Paspalum* spp. selecionados por Batista & Godoy (2000), bem como por Costa et al. (1997a), no trópico úmido brasileiro, e por Hare et al. (1997) para o cv. Ubon (=Pojuca) na Tailândia. Diferenças nestes valores entre experimentos decorrem de diferenças ambientais e metodológicas, com registros na literatura que variam de 20 a 50% da produção anual distribuída na estação seca para genótipos de *Paspalum* spp.. (Costa et al., 1988; Costa et al., 1989a; Pizarro & Carvalho, 1992; Martínez et al., 1985; Batista & Godoy, 2000). Para o *Paspalum atratum* cv. Pojuca, EMBRAPA Cerrados (2001) informou que a distribuição da produção é mais equilibrada que a registrada neste experimento de tese, com 80 % da produção anual de forragem estando concentrada na estação chuvosa.

Com isso, nesta coleção *predominaram* genótipos de *Paspalum* spp. mais indicados para sistemas de produção com menor uso de insumos, com patamares de produção mais baixos, com a estacionalidade da produção menos acentuada que a registrada pelas testemunhas.

Exceto para o contraste entre as duas estações secas, o qual apresentou apenas efeito da variação entre anos e de genótipos ($P < 0,05$), as demais diferenças na produção de forragem entre as estações tiveram influência da interação genótipo x fertilidade. A partir da exploração mais detalhada e integrada desse comportamento dos genótipos, será possível exercer seleção para a produção de forragem com maior equilíbrio entre e dentro de uma estação para as duas condições de fertilidade inicial.

4.1.2.B. Análise de variância univariada e estatísticas descritivas

A análise de variância univariada apontou a prevalência de efeitos significativos ($P > 0,05$) para a maioria das variáveis medidas e geradas, bem como para os contrastes entre a média para gramíneas do gênero *Paspalum* e a média para gramíneas de outros gêneros, e entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e a média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 2-A – Apêndices). As

médias por genótipo e por condição de fertilidade inicial para cada variável são apresentadas na Tabela 3-A (Apêndices).

Vale ressaltar que pela natureza do experimento, tipo e dimensões das unidades experimentais, o confronto ou comparação dos resultados com outras situações experimentais oferece limitações e representa mais um caráter ilustrativo. Com isso, neste experimento o foco da análise dos resultados é priorizado para o desempenho relativo dos genótipos dentro da coleção. Até porque a quase totalidade da coleção foi avaliada em campo pela primeira vez, sendo os resultados deste trabalho os primeiros registros da capacidade produtiva e reprodutiva dos genótipos.

4.1.2.B.I. Cobertura do solo (COB-EST92)

Na Figura 4 é apresentado o comportamento da coleção em cada condição de fertilidade inicial para a porcentagem de cobertura do solo ao final da fase de estabelecimento (COB-EST92). Não houve efeito significativo ($P > 0,05$) para a interação genótipo x fertilidade inicial (Tabela 2-A). As gramíneas do gênero *Paspalum* apresentaram, em média, menor cobertura do solo (42%) do que as gramíneas de outros gêneros (60%) tanto na condição de fertilidade inicial menor (34 *versus* 46) como na condição de fertilidade inicial maior (51 *versus* 74). Todavia, em ambas as condições de fertilidade inicial, a amplitude dos valores foi ampla, variando de 5 a 63% (menor fertilidade inicial) e de 23 a 85% (maior fertilidade inicial). Os destaques da coleção foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-006572 (56%), BRA-008613 (66%), BRA-009105 (70%), *Paspalum atratum* cv. Pojuca (50%), BRA-009652 (56%), BRA-009687 (60%), BRA-010391 (65%), BRA-012734 (56%) e BRA-014851(61%) e os cultivares Marandu (63%), Vencedor (60%), *B.brizantha* BRA-004391 (62%) e *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (73%) (Tabela 3-A).

Para o conjunto dos genótipos de *Paspalum* spp. verificou-se baixa porcentagem de cobertura do solo, indicando baixa capacidade de colonização,

principalmente quando se considera que no estabelecimento o regime hídrico foi o mais favorável. Esta variável é relevante para fins de conservação do solo nessa fase crítica inicial, que é a fase de estabelecimento. Até porque, na coleção, os genótipos eram predominantemente de crescimento cespitoso. Além disso, a cobertura do solo está associada com a definição da capacidade de utilização precoce da pastagem.

A maior porcentagem de cobertura do solo com a condição de fertilidade inicial maior atesta a importância da disponibilidade de nutrientes para a fase de estabelecimento (Vilela et al., 1998) e seu papel como instrumento para ampliação da capacidade de competição da planta forrageira.

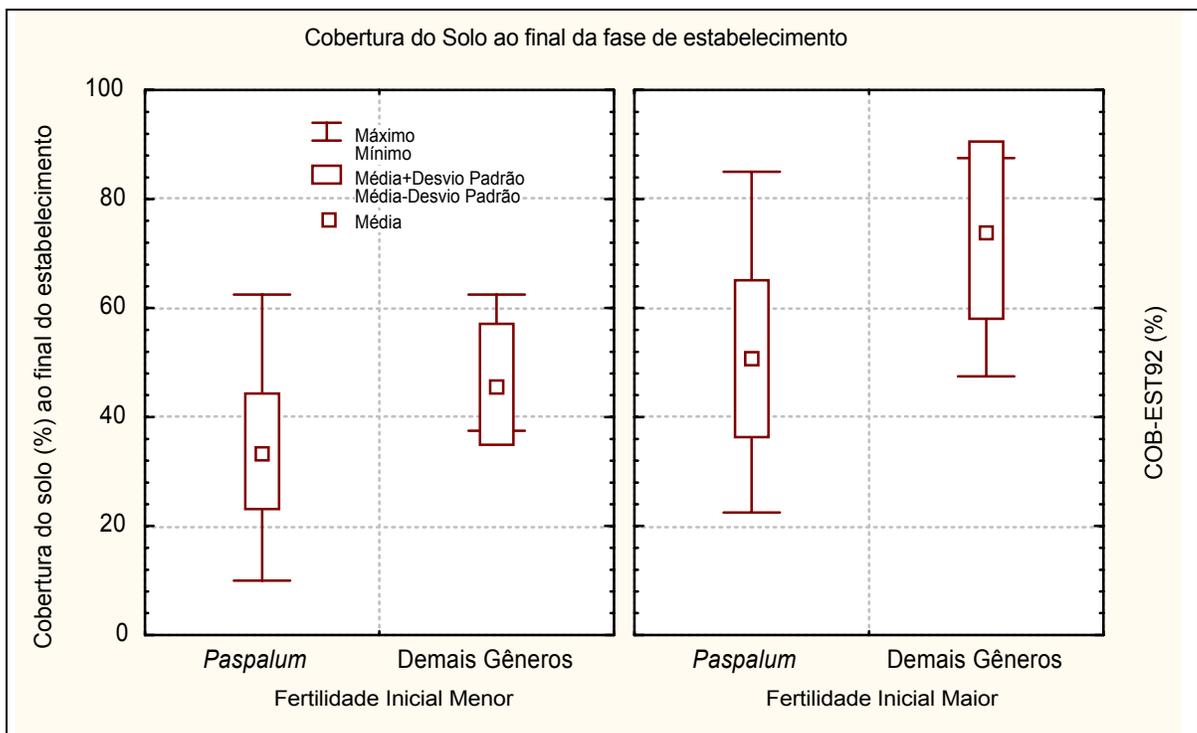


Figura 4. Cobertura do solo (%) ao final da fase de estabelecimento numa coleção de genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*), quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados.

Quando considerada a condição de fertilidade inicial menor, os valores para a porcentagem de cobertura do solo obtidos no experimento situaram-se abaixo dos registrados por Carneiro et al. (1998) (64 a 81 %). Na condição de fertilidade inicial maior, em média, situaram-se próximos dos valores obtidos por Costa et al. (1999) (45-90 %) e por Souza et al. (1992) (51 a 95 %).

Para maior e mais rápida cobertura do solo, Kornelius (1994) verificou a necessidade de adoção do controle das invasoras e a elevação das taxas de semeadura do *Paspalum atratum* cv. Pojuca. Da mesma forma, para esta coleção há a possibilidade de obtenção de valores mais altos para a cobertura do solo a partir do plantio mais adensado e com maior taxa de semeadura.

4.1.2.B.II. Massa Seca Total ao final da fase de estabelecimento (MST-EST92)

Houve efeito significativo ($P < 0,05$) para todas as causas de variação controladas e para os contrastes entre o gênero *Paspalum* e os demais gêneros e entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e os demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 2-A).

As gramíneas do gênero *Paspalum* apresentaram menor produção de MST-EST92 (Figura 5) tanto na condição de fertilidade inicial menor (1,1 versus 3,2 t/ha) como na condição de fertilidade inicial maior (2,6 versus 7,1 t/ha).

Na condição de fertilidade inicial menor, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0 a 3,5 t/ha (destaque BRA-008613). Para a condição de fertilidade inicial maior, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0 a 7,4 t/ha (destaque BRA-009652). A alta frequência de genótipos de *Paspalum* spp. com produção de forragem nula, reflexo do fraco desenvolvimento das plantas (altura menor que a altura do corte), reduziu a média da coleção para este gênero principalmente na condição de fertilidade inicial menor.

Os destaques da coleção na condição de fertilidade inicial menor foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-005819, BRA-006602, BRA-008613, BRA-008630, BRA-009415, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-009652, BRA-009687 e BRA-014851 cujas produções variaram de 2,3 (cv. Pojuca) a 3,5 t/ha (BRA-008613) (Tabela 3-A).

Na condição de fertilidade inicial maior foram destaques os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-006602, BRA-009415, *Paspalum atratum* cv. Pojuca, BRA-009652, BRA-009687, BRA-012921 e BRA-018996 com produções que variaram de 6,0 (Pojuca) a 7,4 t/ha (BRA-09652). O genótipo de *B.brizantha* BRA-004391 (4,2 t/ha) e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (9,5 t/ha) foram os destaques de outros gêneros na condição de fertilidade inicial menor e maior, respectivamente (Tabela 3-A).

Na produção de forragem ao final da fase de estabelecimento (MST-EST92), as médias registradas pelas gramíneas do gênero *Paspalum* indicaram baixa taxa de crescimento inicial das plantas em ambas as condições de fertilidade. Todavia, este comportamento da coleção deve-se à baixa ou nula produção de forragem por vários genótipos de *Paspalum* spp. Da mesma forma que a porcentagem de cobertura do solo, a produção MST-EST92 relaciona-se com a capacidade de colonização e competição, conservação do solo e utilização precoce da forragem, sendo influenciada pela fertilidade do solo. Assim, nos sistemas com tecnologia convencional de formação de pastagens, o rápido crescimento inicial é fundamental para se obter a perenidade e a estabilidade produtiva da plantas, pois insucessos nesta fase podem levar à instalação precoce do processo de degradação da pastagem.

Contudo, a capacidade de competir e de acumular forragem num curto período de tempo vem sendo explorada de forma diferenciada por tecnologias que envolvem o cultivo simultâneo de culturas anuais e forrageiras. Para algumas destas propostas é desejável que a agressividade da planta forrageira não seja demasiada ou que a sua manifestação ocorra mais tardiamente para não afetar o desenvolvimento de culturas acompanhantes.

No experimento verificou-se que a fertilização, mais uma vez, pode colaborar para a diminuição dos riscos inerentes à fase de estabelecimento de pastagens em *Paspalum* spp.

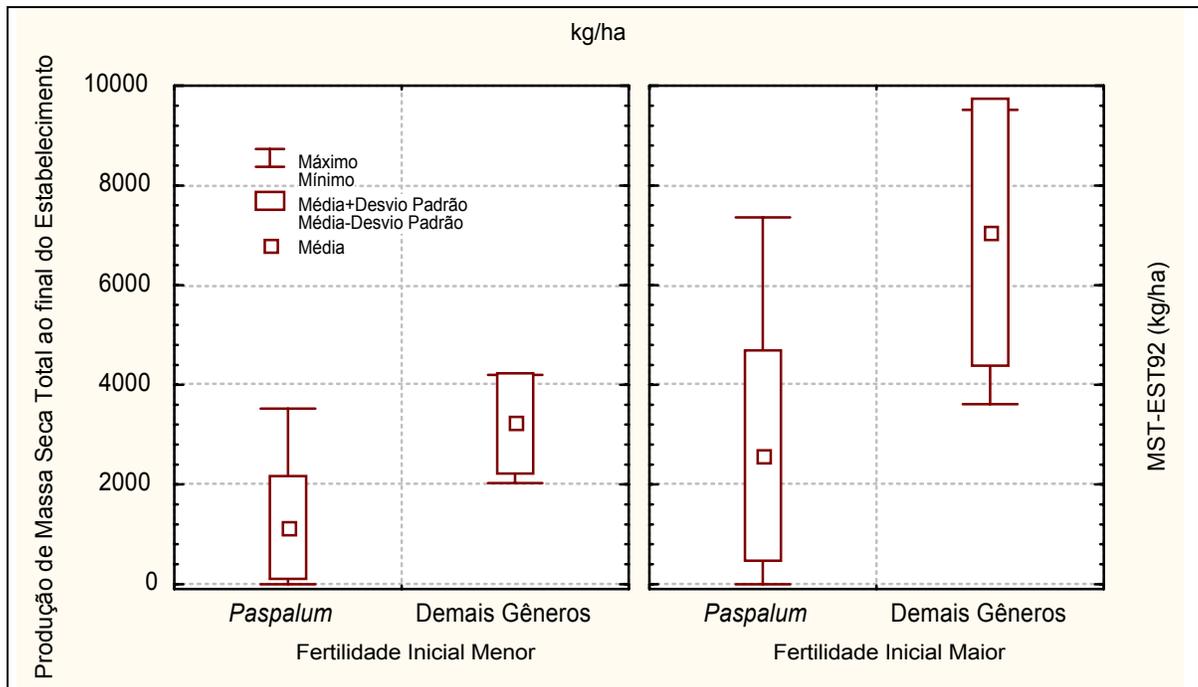


Figura 5. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) ao final da fase de estabelecimento (1992), quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados.

A coleção de *Paspalum* spp. apresentou genótipos cujo comportamento pode atender aos sistemas convencionais de exploração, em que o rápido acúmulo de forragem é desejável. Novamente, graças à variabilidade reunida que possibilitou que genótipos com médias superiores pudessem se equivaler aos genótipos de referência. Alguns dos genótipos foram destaques nas duas condições de fertilidade inicial (e.g. BRA-006602, BRA-009415, *Paspalum atratum*

cv. Pojuca, BRA-009652 e BRA-009687), apesar da interação genótipo x fertilidade inicial.

A produção de MST obtida nesta fase pelos genótipos de *Paspalum* spp., em média, superou a registrada por Pizarro & Carvalho (1992) (0 a 4,4 t/ha) para genótipos avaliados na mesma localidade, principalmente quando se consideram os valores obtidos na condição de fertilidade inicial maior. Os genótipos com melhor desempenho neste experimento tiveram suas produções iguais ou acima da registrada pelos melhores genótipos (2,0 t/ha) da coleção avaliada por Pizarro & Carvalho (1992).

A fase de estabelecimento representa o início de uma jornada de produção. Por isso, os genótipos que mesmo na condição de fertilidade inicial maior não se destacaram na fase de estabelecimento deverão ser descartados para utilização como forrageira, até porque as condições climáticas foram as mais propícias de todo o período experimental.

4.1.2.B.III. Produções de massa verde seca (MVS), senescida (MSS) e total (MST) ao final da estação seca 1992

i – Massa verde seca – Seca 1992

A produção de massa verde seca (MVS) foi influenciada pelo efeito da interação genótipo x fertilidade inicial ($P < 0,05$) (Tabela 2-A), com os genótipos de *Paspalum* spp. apresentando, em média, menores valores que os registrados para as gramíneas de outros gêneros, tanto na condição de fertilidade inicial menor (0,6 versus 1,2 t/ha) como na condição de fertilidade inicial maior (1,2 versus 3,6 t/ha) (Figura 6). A produção de MVS do *Paspalum atratum* cv. Pojuca não diferiu da média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. nas duas condições de fertilidade inicial (Tabela 2-A).

Na condição de fertilidade inicial menor, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0 a 2,0 t/ha (BRA-012793). Para a condição de

fertilidade inicial maior, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0 a 4,9 t/ha (BRA-012602).

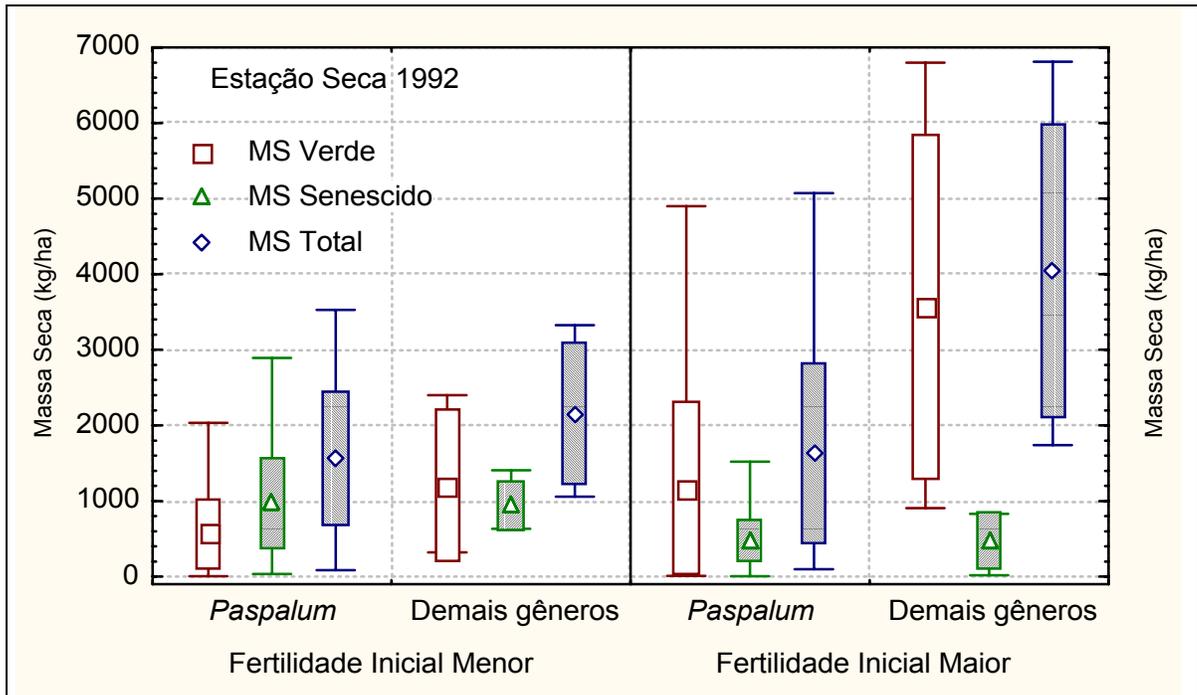


Figura 6. Massa verde seca (MVS), Senescida (MSS) e Total (MVS+MSS) [parte aérea >20 cm] acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) ao final da estação seca 1992, quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados. Símbolos indicam a média da coleção, as caixas indicam limites para a média da coleção \pm desvio padrão das médias dos genótipos e as linhas horizontais os valores mínimo e máximo registrados pelas médias dos genótipos em cada variável.

Os destaques da coleção, na condição de fertilidade inicial menor, foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-006611, BRA-012581, BRA-012602, BRA-012700, BRA-012793, BRA-013927, BRA-014851 e V-11802/1, com produções que variaram de 1,3 (BRA-0013927) a 2,0 t/ha (BRA-012793) (Tabela 3-A). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou produção de apenas 0,8 t/ha de MVS.

Os destaques dentro dos outros gêneros foram a *B.brizantha* BRA-003441 (2,4 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-004391 (2,2 t/ha).

Na condição de fertilidade inicial maior, os genótipos BRA-012581, BRA-012602, BRA-012793, BRA-012921, BRA-013927, V-11802/1 e V-11884 foram os destaques em *Paspalum* spp., com produções que variaram de 2,8 (BRA-012581) a 4,9 t/ha (BRA-012602). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 2,2 t/ha de MVS. O genótipo de *B.brizantha* BRA-003441 (2,9 t/ha) e os cvs. Marandu (4,8 t/ha) e Vencedor (6,8 t/ha) foram os destaques entre as gramíneas de outros gêneros (Tabela 3-A).

ii – Massa Seca Senescida – Seca 92

A produção de massa seca senescida (MSS) foi influenciada pelo efeito da interação genótipo-fertilidade inicial ($P < 0,05$) (Tabela 2-A). Embora com efeito significativo ($P < 0,01$) para fertilidade inicial (Menor 1,0 versus 0,5 t/ha de MSS), os genótipos de *Paspalum* spp. apresentaram, em média, valores semelhantes aos registrados pelas gramíneas de outros gêneros, tanto na condição de fertilidade inicial menor (1,0 t/ha) como na condição de fertilidade inicial maior (0,5 t/ha) (Figura 6). Com isso, o efeito da interação genótipo-fertilidade inicial, constatado para a coleção, não pôde ser visualizado na Figura 6, cuja representação restringiu-se ao gênero botânico. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca também não diferiu ($P > 0,05$) da média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (média das condições de fertilidade inicial) (Tabela 2-A).

Na condição de fertilidade inicial menor, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0,03 (BRA-019470) a 2,9 t/ha (V-11884). Para a condição de fertilidade inicial maior, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0 a 1,5 t/ha (BRA-006611) (Figura 6).

Os destaques da coleção, pela baixa produção de MSS na condição de fertilidade inicial menor, foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-005088, BRA-

006700, BRA-008508, BRA-008524, BRA-008648, BRA-008681, BRA-011479, BRA-014630, BRA-014729 e BRA-019470, com produções que variaram de 0 a 0,4 t/ha (maior média BRA-012793) (Tabela 3-A). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou produção de 1,9 t/ha de MSS. O destaque dentro dos outros gêneros foi a *B.brizantha* BRA-004391 (0,6 t/ha).

Na condição de fertilidade inicial maior, os destaques em *Paspalum* spp. foram os genótipos BRA-006718, BRA-008648, BRA-008681, BRA-008923, BRA-011479, BRA-011517, BRA-012921, BRA-014729 e BRA-019470 com produções que variaram de 0 a 0,1 t/ha de MSS (maior média BRA-012602). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 0,4 t/ha de MSS. O *Panicum maximum* cv. Vencedor (0,02 t/ha) foi o destaque dentre os genótipos de outros gêneros (Tabela 3-A).

iii – Massa Seca Total – Seca 92

A produção de massa seca total (MST) não foi afetada pela condição de fertilidade inicial ($P > 0,05$) (Menor: 1,6 t/ha; Maior: 1,8 t/ha de MST). Foi verificado o efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipo e com tendência para o efeito da interação genótipo-fertilidade inicial ($P = 0,058$) (Tabela 2-A). Os genótipos de *Paspalum* spp. apresentaram, em média, menor ($P < 0,01$) produção de MST que as gramíneas de outros gêneros (1,6 *versus* 3,1 t/ha). Essa diferença na produção foi de maior magnitude absoluta na condição de fertilidade inicial maior (1,6 *versus* 4,0 t/ha) do que na condição de fertilidade inicial menor (1,6 *versus* 2,2 t/ha) (Figura 6). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca não diferiu ($P > 0,05$) da média dos demais genótipos de *Paspalum* spp., na média das duas condições de fertilidade inicial (Tabela 2-A).

Na condição de fertilidade inicial menor, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0,08 (BRA-019470) a 3,5 t/ha (BRA-003824). Para a condição de fertilidade inicial maior, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0,6 (BRA-011517) a 5,1 t/ha (BRA-012602) (Figura 6).

Os destaques da coleção, pela alta produção de MST na condição de fertilidade inicial menor, foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-003824, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-012426, BRA-012599, BRA-012602, BRA-012793, BRA-013927, BRA-014851 e V-11884, cujas produções variaram de 2,6 (cv. Pojuca) a 3,5 t/ha (BRA-003824) (Tabela 3-A). O destaque dentro dos outros gêneros foi a *B.brizantha* BRA-003441 com 3,3 t/ha de MST.

Na condição de fertilidade inicial maior, os destaques em *Paspalum* spp. foram os genótipos BRA-006611, BRA-012581, BRA-012602, BRA-012793, BRA-012921, BRA-013927 e V-11802/1 com produções que variaram de 3,6 (BRA-012581) a 5,1 t/ha de MST (BRA-012602). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 2,6 t/ha de MST. O *Panicum maximum* cv. Vencedor com 6,8 t/ha foi o destaque dentre os genótipos de outros gêneros, seguido da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (4,9 t/ha) e da *B.brizantha* BRA-004391 (3,7 t/ha). (Tabela 3-A)

Quando considerada a média entre as duas condições de fertilidade inicial, os genótipos de *Paspalum* spp. que se destacaram positivamente foram: BRA-006611 (3,3 t/ha), BRA-012581 (3,1 t/ha), BRA-012602 (4,1 t/ha), BRA-012793 (3,8 t/ha), BRA-013927 (3,4 t/ha), BRA-014851 (3,1 t/ha) e V-11802/1 (3,1 t/ha) e V-11884 (3,5 t/ha). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 2,6 t/ha de MST (Tabela 3-A).

iv – Participação da massa seca senescida na massa seca total – Seca 1992

Esta variável não foi submetida à análise de variância por conta da heterogeneidade das variâncias e da ineficiência das estratégia de transformação de dados (arco-seno da raiz quadrada) para superação dessa restrição.

Em média, a participação do material senescido foi maior na condição de fertilidade inicial menor (Menor: 62%; Maior: 41%), bem como nas gramíneas do

gênero *Paspalum* em relação às demais gramíneas da coleção em ambas as condições de fertilidade inicial (Menor: 63 versus 52%; Maior: 42 versus 24%) (Figura 7). Também em *Paspalum* spp. verificou-se uma grande amplitude de variação das médias dos genótipos (Menor: 24 a 99%; Maior: 1 a 97%).

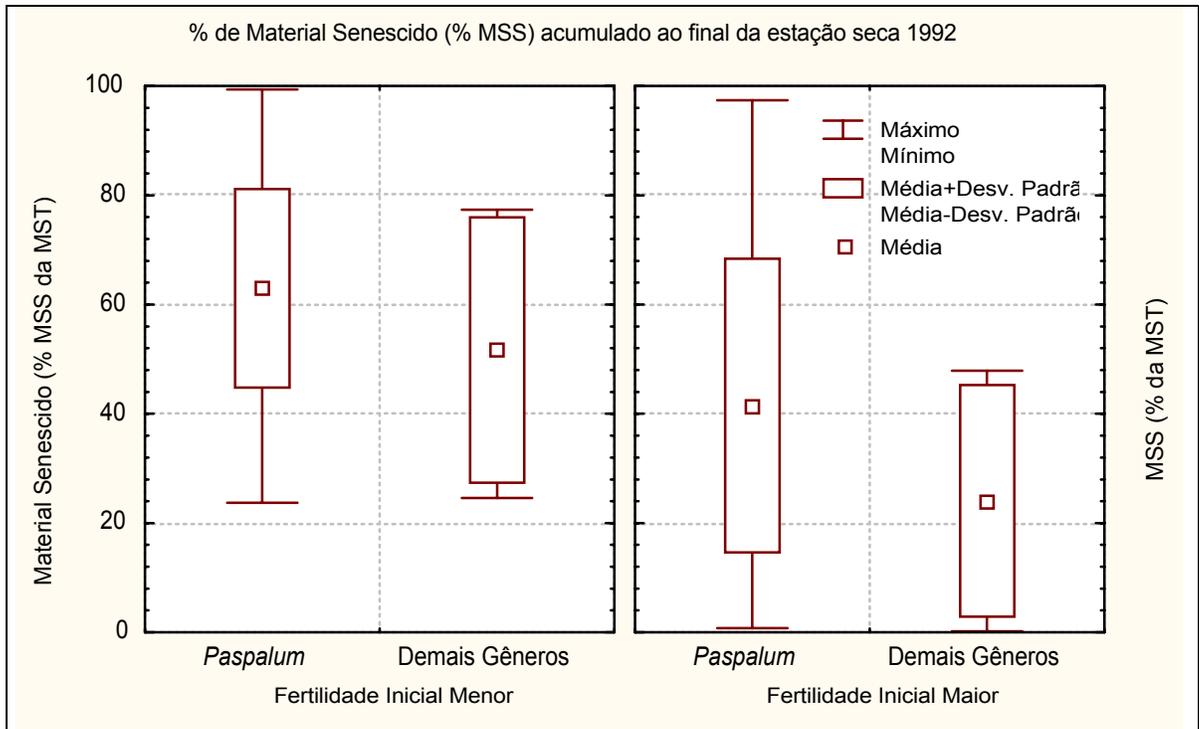


Figura 7. Participação da Massa Seca Senescida (% MSS) na Massa seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) ao final da estação seca 1992, quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados.

Os destaques positivos, pela baixa participação do material senescido, foram *Paspalum* spp. BRA-006602 (36%), BRA-008508 (31%), BRA-008524 (29%), BRA-008613 (34%), BRA-012700 (24%), BRA-014630 (29%), BRA-014729 (27%), MS-040 (37%) e *B.brizantha* BRA-004391 (25%). na condição de

fertilidade inicial menor. Os destaques negativos foram o genótipo BRA-013692 (99%) e o *Panicum maximum* cv. Vencedor (77%), dentre outros. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou alta proporção de material senescido (70%) (Tabela 3-A).

Na condição de fertilidade inicial maior, o *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou apenas 15% de material senescido na forragem acumulada na seca e o *Panicum maximum* cv. Vencedor praticamente não apresentou tecidos mortos na parte aérea. Esta inversão de valores em relação à fertilidade inicial menor sugere efeito da interação genótipo-fertilidade. O destaque negativo foi, novamente, o genótipo BRA-013692 (97%) em *Paspalum* spp. Os destaques positivos foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-008913, BRA-012602, BRA-012645B, BRA-012734, BRA-012921, BRA-013927, BRA-019470 e V-11884 com valores variando de 1 a 9% (Tabela 3-A), e os cvs. Marandu (3%) e Vencedor (0%).

Em *Paspalum* spp. há grande variação acerca da participação de folhas e de tecidos vivos na forragem acumulada na estação seca. Na avaliação de 42 genótipos, Pizarro & Carvalho (1992) obtiveram registros de 26 a 96 % de participação de material senescido na forragem acumulada. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou apenas 16 % de tecidos vivos, abaixo do obtido neste experimento (30 a 85 %), em especial na condição de fertilidade inicial maior (85 %).

4.1.2.B.IV. Produção de Massa Total ao final da estação seca 1993 (MST-SECA93)

Nessa estação a produção de matéria seca na coleção sofreu apenas a influência do efeito de genótipo ($P < 0,01$). Os genótipos pertencentes ao gênero *Paspalum*, com produção de 0,7 t/ha diferiram ($P < 0,05$) daqueles de outros gêneros (1,1 t/ha) (Tabela 2-A e Tabela 3-A). Na condição de fertilidade inicial

menor, a diferença média entre os genótipos do gênero *Paspalum* (0,7 t/ha) e os demais genótipos (1,0 t/ha) foi de menor magnitude que na condição de fertilidade inicial maior (*Paspalum* 0,8 t/ha vs. Demais 1,3 t/ha) (Figura 8). Vale destacar que a amplitude de valores em *Paspalum* spp. foi expressiva (0 a 2,4-3,1 t/ha), abarcando e superando a amplitude de valores para os demais gêneros (menor: 0,7-1,4 t/ha; maior: 0,8-1,8 t/ha), indicando a existência de vários genótipos com média superior (Figura 8).

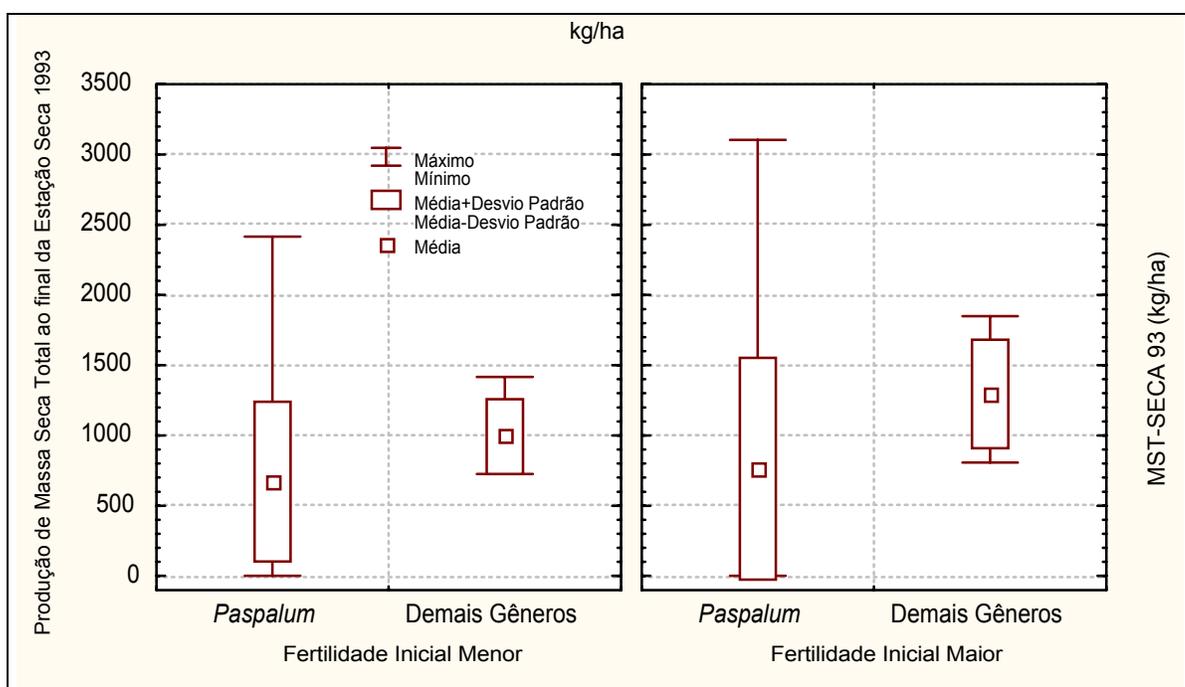


Figura 8. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) ao final da estação seca 1993, quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados.

Quando considerada a média das condições de fertilidade inicial, verificou-se que os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-006611 (2,1 t/ha), BRA-012602 (2,3

t/ha), BRA-012645B (1,7 t/ha), BRA-012793 (2,2 t/ha), BRA-012874 (2,0 t/ha), BRA-012921 (2,1 t/ha), BRA-013927 (2,0 t/ha), BRA-014010 (1,7 t/ha), V-11802/1 (2,6 t/ha) e V-11884 (2,3 t/ha) foram os destaques positivos. Os genótipos de outros gêneros não apresentaram suas médias entre as dez maiores da coleção para esta variável (MST-Seca 93). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu apenas 0,6 t/ha de MST, evidenciando a sua maior aptidão para regimes hídricos mais favoráveis e/ou áreas úmidas (Tabela 3-A).

Na condição de fertilidade inicial menor, os genótipos de *Paspalum* com melhor performance apresentaram média variando entre 1,5 e 2,4 t/ha (V-11802/1), enquanto que na condição de fertilidade inicial maior variaram entre 2,0 e 3,1 t/ha (V-11884) (Tabela 3-A).

Tanto a produção de massa verde seca (MVS-SECA92) como a produção material senescido (MSS-SECA92) foram influenciadas pela condição de fertilidade inicial. Todavia, a MVS-SECA92 sofreu maior influência, principalmente nos genótipos cultivados na condição de fertilidade inicial maior, tanto de *Paspalum* spp. como dos demais gêneros. Além disso, a MVS-SECA92 teve ampliada a sua faixa de variação e foi a principal responsável pelas diferenças entre gêneros e genótipos na produção de Massa Seca Total (MST-SECA92), num contexto em que não houve efeito da condição de fertilidade na produção de forragem na estações secas.

Na primeira estação seca (1992) e na condição de fertilidade inicial maior, a produção de forragem verde da coleção pode ser considerada alta quando comparada com a produção de material senescido e considerado-se o longo período em crescimento livre. Todavia, nessa condição de fertilidade inicial maior o acúmulo de forragem verde foi favorecido pelo melhor desenvolvimento das plantas, indicado pela maior produção de forragem já na fase de estabelecimento. Esse melhor desenvolvimento das plantas possibilita maior capacidade de superação às adversidades da estação seca.

O comportamento normal e verificado nas estações secas e frias (1992 e 1993) foi a ausência de resposta à adubação ou fertilidade do solo na produção de massa seca total (MST-SECA92 e MST-SECA93). Entretanto, verificou-se que a melhor condição de fertilidade do solo e de desenvolvimento das plantas favoreceram o perfil qualitativo da forragem acumulada na seca, com maior acúmulo de material verde (MVS) e menor acúmulo de material morto (MSS).

Esse comportamento dos componentes da forragem acumulada, provavelmente, não se repetiu na segunda estação seca (1993), a mais severa. Nessa avaliação (seca 1993), além da ausência de resposta à condição de fertilidade inicial, a produção de MST-SECA93 diminuiu bastante. Todavia, com grande amplitude de variação entre os genótipos.

A variável massa verde seca merece ser destacada pela associação com um maior valor nutritivo na forragem, a qual tem sido favorecida e explorada em pastagens estabelecidas com cultivos anuais em sistema de plantio direto na estação chuvosa, que pela melhor conservação da umidade do solo pela palhada e pelo sombreamento da cultura anual favorece a produção e acúmulo de forragem verde na estação seca. Na coleção há genótipos de *Paspalum* spp. bastante responsivos que prestam-se para composição dessas tecnologias típicas de ambientes com fertilidade do solo melhorada. Para áreas com fertilidade mais baixa, a coleção também reúne genótipos tão produtivos quanto os genótipos comerciais no tocante a MST, porém, via de regra, nesta condição há maior produção de material senescido (MSS), em relação à condição de fertilidade alta, implicando maior participação desta fração menos nutritiva e menos selecionada pelos animais em pastejo. Na coleção há predomínio de genótipos de *Paspalum* spp. mais adaptados a áreas úmidas e responsivos à fertilização como o *Paspalum atratum* cv. Pojuca, haja vista que a produção de MVS dos demais genótipos de *Paspalum* spp. não diferiu da obtida com o cv. Pojuca, a qual foi bastante baixa, não ocupando lugar de destaque neste atributo.

A produção de MVS-SECA92 também foi influenciada pela interação genótipo x fertilidade inicial. Com isso, os genótipos que mais se destacaram na

condição de fertilidade inicial menor nem sempre foram os mesmos na condição de fertilidade inicial maior, inclusive entre as testemunhas. A justificativa para este comportamento também reside no condicionamento prévio, mas diferenciado das plantas, para o enfrentamento da seca ou pela maior capacidade inata de adaptação à seca.

Na produção de MSS-SECA92, os genótipos de *Paspalum* spp., em média, se equipararam àqueles dos demais gêneros. Todavia, a MSS em *Paspalum* spp. teve grande amplitude de variação com muitos genótipos superando a produção de MVS-SECA92 na condição de fertilidade inicial menor. Uma inversão desse comportamento foi observada na condição de fertilidade inicial maior, em que a amplitude de variação diminuiu e a MSS-SECA92 foi menor que a MVS-SECA92, com pouca influência e participação na MST-SECA92.

Nenhum dos genótipos que se destacaram pelo baixo acúmulo de MSS-SECA92 apresentou alta produção de MST ou de MVS-SECA92, e poucos se mantiveram como destaque nas duas condições de fertilidade inicial. Daí a importância de se conhecer a produção de MVS e a participação relativa do material senescido na forragem acumulada (% MSS-SECA92), especialmente para discriminação entre os genótipos mais produtivos. Verificou-se que a porcentagem de MSS-SECA92 foi alta, especialmente em *Paspalum* spp. na condição de fertilidade inicial menor, apresentando grande variação na coleção.

A condição de fertilidade inicial maior, discutida anteriormente, diminuiu a porcentagem de MSS em muitos genótipos de *Paspalum* spp.. Como exemplo positivo, o *Paspalum atratum* cv. Pojuca teve a porcentagem de MSS, reduzida de 70% para 15%. Notou-se que na estação seca os benefícios decorrentes da fertilidade inicial maior se manifestam nos componentes da produção da forragem.

A importância relativa da variável massa seca senescida pode ser reavaliada dependendo do contexto em que a mesma tem maior expressão. A senescência dos tecidos da planta forrageira na estação seca é um processo inevitável em várias localidades do Cerrado. O que se verifica em várias situações é a baixa produção de MST na seca, ou seja, restrições na oferta de volumoso,

com o material seco senescido (MSS) respondendo no todo ou em grande parte pela MST. Assim, o material senescido é o único recurso forrageiro disponível cujas limitações em sua oferta e qualidade têm que ser atenuadas. Para tanto, é necessário que se tenha noção, para cada genótipo, da taxa de declínio do valor nutritivo, bem como do seu limite inferior ao final da estação seca. Pois genótipos com alto acúmulo de MSS poderão ser utilizados como forragem diferida exclusiva ou em combinação com suplementos concentrados, volumosos ou banco de proteína. Esta limitação de conhecimento nesta coleção é superada, em parte, com a informação sobre os dois únicos indicadores do valor nutritivo obtidos na estação chuvosa. Se um genótipo na estação chuvosa, com um período de crescimento livre menor e com menor participação do material senescido, mesmo assim apresentar baixo valor nutritivo, certamente esse genótipo ao final da estação seca também apresentará baixo valor nutritivo. Esse fato não exclui a possibilidade do genótipo ter o seu uso preferencial nas águas ou ainda ser viável na estação seca integrado com um programa de suplementação.

Assim, pelo pequeno número de variáveis avaliadas que estão diretamente ligadas ao valor nutritivo, neste experimento a participação relativa do material senescido (%MSS), bem como a produção de massa verde seca (MVS) devem ser integradas na avaliação do valor nutritivo, até que se disponha de outros indicadores sobre a qualidade da forragem dos genótipos. Até porque, na estação seca, os genótipos tiveram produções semelhantes com o diferencial entre eles ocorrendo para a composição da forragem.

Quando considerada isoladamente a produção de MST na primeira (MST-SECA1992) ou na segunda estação seca (MST-SECA1993), constatou-se que vários genótipos de *Paspalum* spp. conseguiram superar a máxima produção ou a produção média de MST das testemunhas, em ambas as condições de fertilidade inicial (menor ou maior).

Apesar das restrições apresentadas pela estação seca, os genótipos desta coleção mostraram-se mais adaptados e produtivos que aqueles avaliados numa várzea drenada por Pizarro & Carvalho (1992), num ambiente mais favorável para

produção na estação seca em termos de água disponível no solo, em que a produção de forragem variou de 0,5 a 2,3 t/ha de MST, com média abaixo da verificada nesse experimento num latossolo. Quando se considera a produção entre os genótipos que se destacaram, os diferenciais se ampliam e constata-se a possibilidade de ganhos com a seleção na coleção ora avaliada.

Noutras localidades em que a estação seca não foi tão severa, as produções de forragem foram mais elevadas que as obtidas neste experimento. No Estado do Acre, Carneiro et al. (1998) relataram produções variando de 5,2 a 6,8 t/ha de MST na estação seca, e no Estado de Rondônia, Costa et al. (1997a) obtiveram produções variando de 4,8 a 8,5 t/ha quando avaliaram nove genótipos. Vale ressaltar que além do efeito do ambiente, estas avaliações ocorreram em genótipos pré-selecionados e que já haviam despontado em provas agrônomicas anteriores.

Em São Carlos-SP, a produção de forragem na época seca apresentada pelos genótipos que se destacaram pela baixa estacionalidade situou-se entre 5,0 e 7,0 t/ha (Batista & Godoy, 2000), superando a obtida pela totalidade dos genótipos desta coleção.

4.1.2.B.V. Produção de Massa Seca Total (MST) acumulada em duas estações secas - Seca 1992 e Seca 1993

Assim como na análise individual da produção de MST nas estações secas, o somatório da produção destas estações também não apresentou efeito significativo ($P > 0,05$) da fertilidade inicial do solo. Todavia, houve efeito ($P < 0,05$) de genótipo e da interação genótipo-fertilidade inicial. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca também não diferiu ($P > 0,05$) da média dos demais genótipos de *Paspalum*, quando considerada a média das condições de fertilidade inicial (Tabela 2-A). No entanto, os genótipos de outros gêneros foram superiores, em média, aos genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 2-A), principalmente na condição

de fertilidade inicial maior (Maior: 5,3 *versus* 2,4 t/ha; Menor: 3,2 *versus* 2,2 t/ha) (Figura 9).

A produção de MST acumulada nas duas estações secas foi afetada pelo declínio na produção de forragem na estação seca 1993, em relação à estação seca 1992, principalmente para os genótipos testemunhas de outros gêneros (Figura 9).

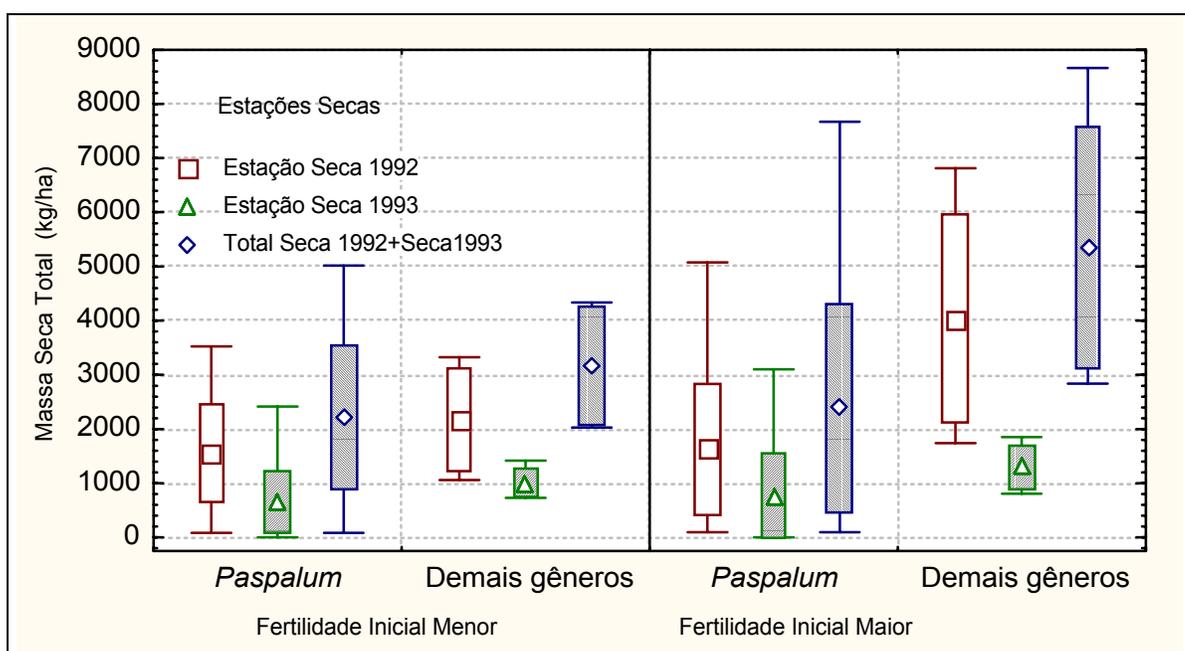


Figura 9. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) ao final das estações secas 1992 e 1993, quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados. Símbolos indicam a média da coleção, as caixas indicam limites para a média da coleção \pm desvio padrão das médias dos genótipos e as linhas horizontais os valores mínimo e máximo registrados pelas médias dos genótipos em cada variável.

Embora sem o efeito da fertilidade inicial na coleção (média de todos os genótipos), evidenciado pela média registrada em *Paspalum* spp. (2,2 *versus* 2,4

t/ha), o mesmo não foi verificado quando considerada a média das gramíneas de outros gêneros (3,2 *versus* 5,3 t/ha) (Figura 9), por conta do efeito da interação genótipo-fertilidade inicial.

Também verifica-se que a amplitude de variação no conjunto dos acessos de *Paspalum* spp. é expressiva nas duas condições de fertilidade inicial (Menor: 0,08-5,1 t/ha; Maior: 0,1-7,7 t/ha), com alguns genótipos superando os limites das médias dos genótipos de outros gêneros (fertilidade inicial Menor: 2,0 – 4,3 t/ha; Maior: 2,8 – 8,6 t/ha).

Os destaques da coleção, pela alta produção de MST na condição de fertilidade inicial menor, foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-012602, BRA-012700, BRA-012793, BRA-012866, BRA-013927, BRA-014010, V-11802/1 e V-11884, cujas produções variaram de 4,2 (BRA-012700) a 5,1 t/ha (BRA-012602) (Tabela 3-A). O destaque dentro dos outros gêneros foi a *B.brizantha* BRA-003441 com 4,3 t/ha de MST. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 3,4 t/ha de MST, nesta condição.

Na condição de fertilidade inicial maior, os destaques em *Paspalum* spp. foram os genótipos BRA-006611, BRA-012581, BRA-012602, BRA-012793, BRA-012921, BRA-013927, V-11802/1 e V-11884, com produções variando de 4,9 (BRA-012581) a 7,7 t/ha de MST (BRA-012602). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 3,0 t/ha de MST. O *Panicum maximum* cv. Vencedor com 8,7 t/ha foi o destaque dentre os outros gêneros, seguido da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (6,4 t/ha). O *Andropogon gayanus* cv. Planaltina, como principal referência de adaptação à seca produziu apenas 2,8 t/ha de MST (Tabela 3-A).

Considerando-se a média entre as duas condições de fertilidade inicial, os genótipos de *Paspalum* spp. que se destacaram positivamente foram: BRA-006611 (5,3 t/ha), BRA-012602 (6,3 t/ha), BRA-012700 (4,5 t/ha), BRA-012793 (6,0 t/ha), BRA-012921 (5,0 t/ha), BRA-013927 (5,4 t/ha), V-11802/1 (5,7 t/ha) e V-11884 (5,8 t/ha). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 3,2 t/ha de MST (Tabela 3-A).

Quando considerada isoladamente a produção de MST na primeira (MST-SECA1992) ou na segunda estação seca (MST-SECA1993), constatou-se que vários genótipos de *Paspalum* spp. conseguiram superar a máxima produção ou a produção média de MST das testemunhas, em ambas as condições de fertilidade inicial (menor ou maior).

Ao serem combinadas a produção de forragem na duas estações secas (MST-SECA92 + MST-SECA93) não se verificou a influência da fertilidade inicial, repetindo o comportamento ocorrido individualmente para MST-SECA93. Houve o efeito de gênero, com os genótipos de *Paspalum* spp. apresentando menor média geral que a obtida pelos genótipos testemunhas. Mesmo assim, mais uma vez pôde-se constatar que na coleção existem genótipos de *Paspalum* spp. com médias de produção de forragem na estação seca que superam ou alcançam a média dos demais gêneros, tanto na condição de menor como de maior fertilidade inicial.

Foi oportuna a avaliação em duas estações secas, pois as diferenças entre anos puderam ser contempladas. A produção de matéria seca total na segunda estação seca (1993) apresentou menor média, afetando a produção acumulada nas duas estações secas. Ocorreram genótipos de *Paspalum* que se destacaram tanto na condição de fertilidade inicial menor como na condição de fertilidade inicial maior. Todavia, foi na condição de fertilidade inicial menor que os genótipos de *Paspalum* spp. que mais se destacaram puderam melhor caracterizar sua superioridade na estação seca em relação aos genótipos dos demais gêneros. Isso porque as produções de forragem, embora baixas, foram regulares nas duas situações de seca (amena: 1992 e severa: 1993).

O *Paspalum atratum* cv. Pojuca não se destacou quando considerado o conjunto das duas avaliações na estação seca ($P > 0,05$ para o contraste Pojuca vs. média dos demais genótipos de *Paspalum* spp.). Da mesma forma, o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina não se destacou pela produção de forragem nas duas estações, apesar de ser uma das principais referências pela sua adaptação ao clima seco. No entanto, há na coleção genótipos com melhor

desempenho na estação seca que o *Paspalum atratum* cv. Pojuca o qual, assim como outros genótipos de *Paspalum* spp., possui adaptação para a sobrevivência à estação seca, mas com limitações para o acúmulo de forragem. Há destaques pela alta produção de massa seca na seca, porém quantitativamente ainda é bastante restritiva essa oferta. Assim, face ao baixo acúmulo de forragem na época seca, a adoção da prática do diferimento da pastagem no final das estação chuvosa e ajustes na taxa de lotação ou período de descanso serão inevitáveis quando se considera a possibilidade de uso do germoplasma de *Paspalum* spp. já avaliado em localidades com estação seca prolongada.

4.1.2.B.VI. Produção de Massa Seca Total na rebrota de 45 dias no início da estação chuvosa (MST-REB45) e Massa Seca Total acumulada ao final da estação chuvosa 1992/93 (MST-CHUVA92/93)

i – Massa Seca Total rebrota de 45 dias – MST-REB45

A produção de forragem da rebrota foi afetada ($P < 0,01$) por todas as causas de variação controladas, bem como os contrastes entre gêneros (*Paspalum* versus Demais) e entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e a média os demais genótipos de *Paspalum* spp. ($P < 0,05$) (Tabela 2-A). A rebrota na condição de fertilidade inicial maior permitiu, em média, maior ($P < 0,05$) acúmulo de forragem do que na condição de fertilidade inicial menor (2,5 versus 1,2 t/ha). Em média, a produção de forragem na rebrota foi superior ($P < 0,05$) nos genótipos testemunhas em comparação com os genótipos de *Paspalum* spp. (4,2 versus 1,7 t/ha) e em ambas as condições de fertilidade (fertilidade inicial maior: 5,0 versus 2,4 t/ha; menor: 3,3 versus 1,1 t/ha).

Em *Paspalum* spp., as amplitudes para as médias de genótipos foram de 0 a 2,9 t/ha e 0 a 6,3 t/ha, respectivamente, para a condição de fertilidade inicial menor e maior. Para os demais gêneros, as amplitudes foram de 1,4 a 6,2 t/ha e

de 2,4 a 6,5 t/ha para a condição de fertilidade inicial menor e maior, respectivamente (Figura 10, Tabela 3-A).

Na condição de fertilidade inicial menor, destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-003824 (2,5 t/ha), BRA-006572 (2,2 t/ha), BRA-009610 (cv. Pojuca) (2,2 t/ha), BRA-012700 (2,9 t/ha), BRA-012793 (2,4 t/ha), BRA-013927 (2,1 t/ha), BRA-014851 (2,8 t/ha) e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (2,6 t/ha), a *B.brizantha* BRA-003441 (6,2 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-004391 (4,8 t/ha), com diferenças apreciáveis entre as médias destes últimos em relação aos genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 3-A).

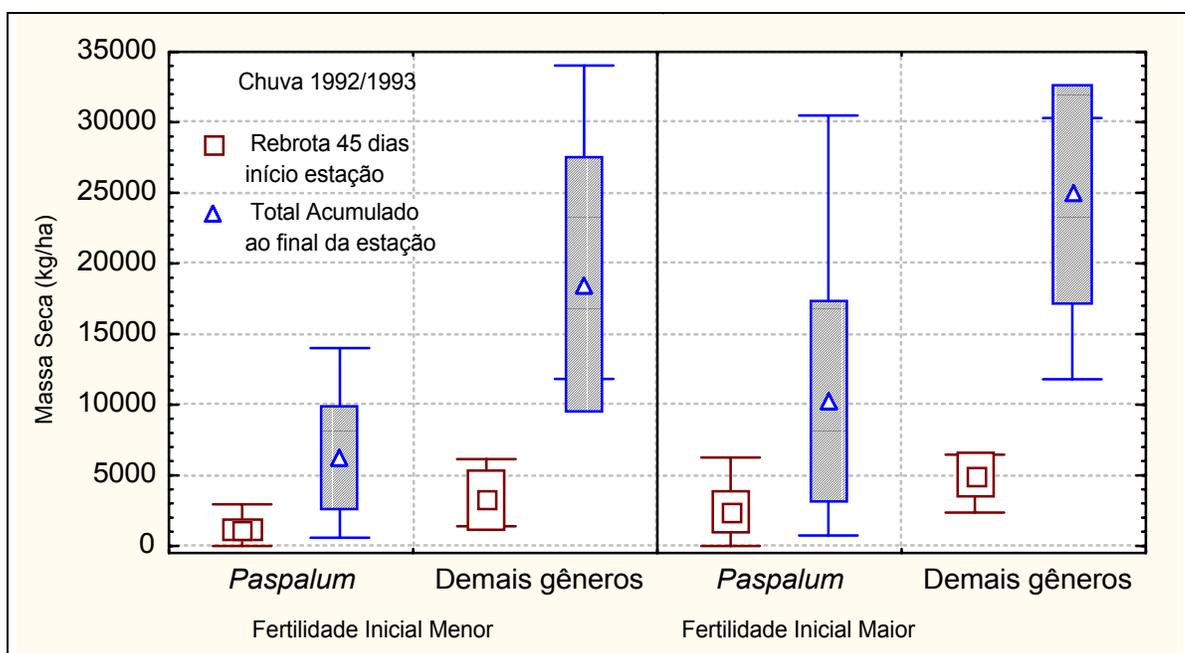


Figura 10. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) na avaliação do vigor da rebrota no início da estação chuvosa 1992/93 (kg MST/45 dias) e ao final da estação chuvosa 1992/93, quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados. Símbolos indicam a média da coleção, as caixas indicam limites para a média da coleção \pm desvio padrão das médias dos genótipos e as linhas horizontais os valores mínimo e máximo registrados pelas médias dos genótipos em cada variável.

Na condição de fertilidade inicial maior, destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-003824 (5,4 t/ha), BRA-009610 (cv. Pojuca) (4,3 t/ha), BRA-012793 (4,9 t/ha), BRA-013927 (5,2 t/ha), BRA-014851 (5,5 t/ha), BRA-018996 (6,2 t/ha), V-11802/1 (4,4 t/ha), e a *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (6,5 t/ha), a *B.brizantha* BRA-003441 (5,1 t/ha), o *Panicum maximum* cv. Vencedor (5,2 t/ha) e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (6,1 t/ha). A *B.brizantha* BRA-004391, com 2,4 t/ha, teve o vigor da rebrota deprimido na condição de fertilidade inicial maior, em relação à condição de fertilidade inicial menor (Tabela 3-A).

As médias registradas para MST-REB45 nos genótipos que se destacaram na condição de fertilidade inicial menor foram semelhantes à registrada na avaliação de 42 genótipos de *Paspalum* spp. na mesma localidade, em que os genótipos com maiores velocidades de rebrota acumularam acima de 2,0 t/ha de MST (Pizarro & Carvalho, 1992). Na condição de fertilidade inicial maior, a produção de MST-REB45, em média, dobrou (2,4 t/ha), havendo uma maior amplitude de variação da resposta dos genótipos que se destacaram, alcançando até 6,3 t/ha.

A produção de forragem da rebrota (MST-REB45) permitiu identificar os genótipos com maior vigor e rapidez de rebrota no início da estação chuvosa. Para esta variável, os genótipos de *Paspalum* spp. apresentaram, em média, as menores produções nas duas condições de fertilidade. As testemunhas de outros gêneros apresentaram excepcional desempenho (principalmente *B.brizantha* BRA-003441) na condição de fertilidade inicial menor, de tal modo que mesmo os genótipos de *Paspalum* spp. com maiores médias, tiveram apenas desempenho próximo da média dos genótipos de referência. No entanto, na condição de fertilidade inicial maior foi maior o número de genótipos de *Paspalum* spp. que se destacaram, com desempenho igual ou superior ao registrado pelas testemunhas. Com isso, mostraram-se responsivos em períodos de crescimento livre de curta duração com maior disponibilidade de nutrientes, sugerindo menor eficiência na

rápida aquisição dos nutrientes do solo, porém com alta eficiência na utilização para repor tecidos da parte aérea das plantas.

Alguns dos genótipos de *Paspalum* spp. que despontaram pela MST-REB45 na condição de fertilidade inicial maior, também se destacaram na condição de fertilidade inicial menor, embora com produções pouco competitivas em relação às testemunhas.

ii – Massa Seca Total ao final da estação chuvosa 1992/93 – MST-CHUVA92/93

A produção de forragem neste período de crescimento foi afetada ($P < 0,01$) por todas as causas de variação controladas. Da mesma forma, os contrastes entre gêneros (*Paspalum* versus Demais) e entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e a média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. mostraram-se significativos ($P < 0,05$) (Tabela 2-A). A condição de fertilidade inicial maior permitiu, em média, maior ($P < 0,05$) acúmulo de forragem do que na condição de fertilidade inicial menor (11,1 versus 6,9 t/ha). A produção de forragem nesta estação foi superior ($P < 0,05$), em média, nos genótipos testemunhas em comparação com os genótipos de *Paspalum* spp. (21,7 versus 8,2 t/ha) e em ambas as condições de fertilidade (fertilidade inicial maior: 24,9 versus 10,3 t/ha; menor: 18,5 versus 6,2 t/ha).

Em *Paspalum* spp., as amplitudes para as médias de genótipos foram de 0,6 a 14,0 t/ha e de 0,7 a 30,5 t/ha, respectivamente, para a condição de fertilidade inicial menor e maior. Para os demais gêneros, as amplitudes foram de 11,8 a 34,0 t/ha e de 11,8 a 30,3 t/ha para a condição de fertilidade inicial menor e maior, respectivamente (Figura 10, Tabela 3-A). As menores médias registradas para o conjunto dos genótipos de *Paspalum* spp. podem ser explicadas pela alta freqüência de genótipos com baixa produtividade na estação ou pouco responsivos à condição de fertilidade inicial maior.

Na condição de fertilidade inicial menor, destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-003824 (14,0 t/ha), BRA-008630 (12,5 t/ha), BRA-009610 (cv. Pojuca) (12,3 t/ha), BRA-012581 (12,5 t/ha), BRA-012700 (13,2 t/ha), BRA-014851 (14,0 t/ha) e os cvs. Planaltina (18,1 t/ha) e Marandu (12,9 t/ha), a *B.brizantha* BRA-003441 (34,0 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-004391 (15,5 t/ha) (Tabela 3-A). Excetuando-se a *B.brizantha* BRA-003441 (34,0 t/ha), com sua excepcional produção de forragem, e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (18,1 t/ha), os genótipos com melhor performance tiveram comportamento semelhante na produção de forragem nesta estação. Todavia, as médias registradas por eles situam-se bem acima da média da coleção (Tabela 3-A).

Para a condição de fertilidade inicial maior, destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-003824 (20,7 t/ha), BRA-009610 (cv. Pojuca) (24,1 t/ha), BRA-009652 (21,7 t/ha), BRA-012793 (25,2 t/ha), BRA-018996 (30,5 t/ha) e os cv. Marandu (28,8 t/ha), Vencedor (30,3 t/ha) e Planaltina (29,5 t/ha), e a *B.brizantha* BRA-003441 (24,1 t/ha). A *B.brizantha* BRA-003441 apresentou depressão em seu desempenho na condição de fertilidade tida como mais favorável, ao passo que as demais gramíneas testemunhas ampliaram substancialmente sua produção de forragem nesta condição, principalmente o *Panicum maximum* cv. Vencedor, indicando alta capacidade de resposta a incrementos na fertilidade do solo. Em *Paspalum* spp., a relação dos genótipos com melhor desempenho na condição de fertilidade inicial maior teve grandes modificações em relação à lista na condição de fertilidade inicial menor, sugerindo especialização e/ou baixa capacidade de resposta (Tabela 3-A). Da mesma forma, dentro de uma mesma condição de fertilidade, foram poucos os que mantiveram a mesma performance superior na MST-REB45 e na MST ao final da estação chuvosa (MST-CHUVA92/93).

4.1.2.B.VII. Produção de Massa Seca Total ao final da estação chuvosa 1993/94 (MST-CHUVA93/94)

Verificou-se o efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipo e a leve tendência para o efeito da fertilidade inicial ($P = 0,052$). Também observou-se significância ($P < 0,05$) para o efeito da interação genótipo-fertilidade inicial e para entre gêneros e entre o cv. Pojuca e a média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 2-A). Os genótipos de *Paspalum* spp. apresentaram, em média, menor ($P < 0,01$) produção de MST que as gramíneas de outros gêneros (6,2 versus 23,4 t/ha). Essa diferença na produção foi de maior magnitude absoluta na condição de fertilidade inicial maior (6,6 versus 25,2 t/ha) do que na condição de fertilidade inicial menor (5,8 versus 21,7 t/ha) (Figura 11). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca diferiu ($P < 0,05$) da média dos demais genótipos de *Paspalum* spp., quando consideradas as duas condições de fertilidade inicial (Tabela 3-A).

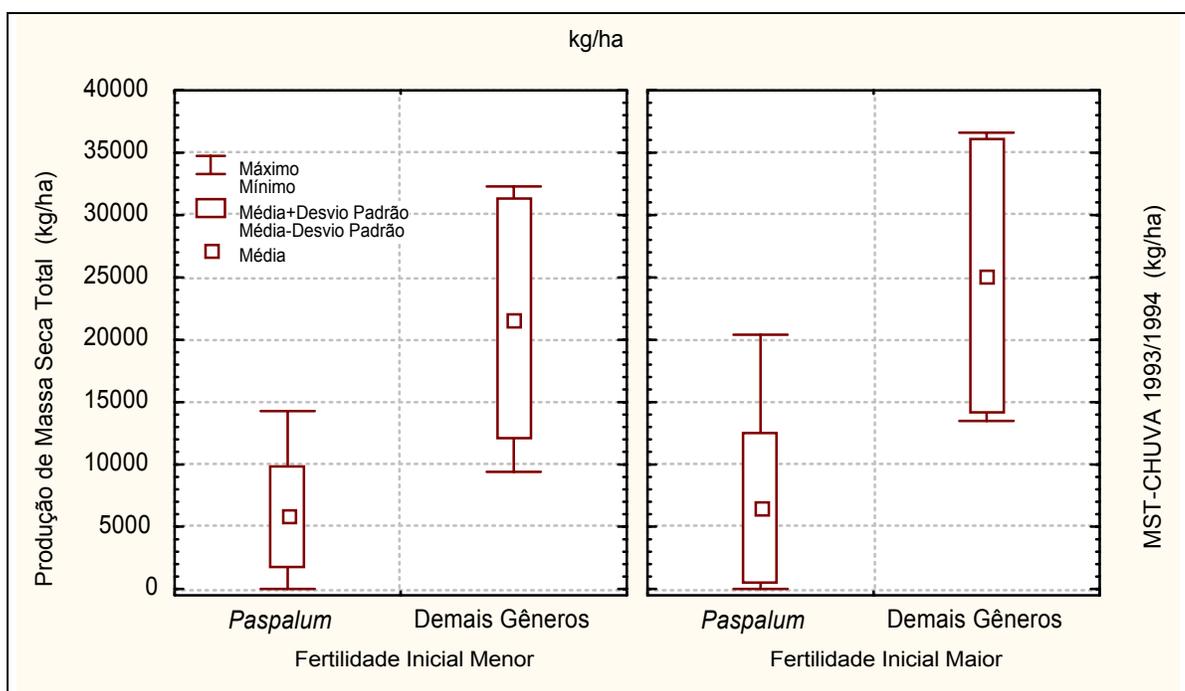


Figura 11. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) ao final da estação chuvosa 1993/94, quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num

ambiente dos Cerrados.

Na condição de fertilidade inicial menor, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0 a 14,3 t/ha (cv. Pojuca). Para a condição de fertilidade inicial maior, a amplitude da resposta para *Paspalum* spp. variou de 0 a 20,4 t/ha (BRA-012602) (Figura 11). A ocorrência de produções de forragem nulas (0) influenciaram negativamente a média registrada para a coleção de *Paspalum* spp. nas duas condições de fertilidade inicial.

Os destaques da coleção, pela alta produção de MST na condição de fertilidade inicial menor, foram os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-012602, BRA-012645A, BRA-012793, BRA-012874 e BRA-013978, cujas produções variaram de 12,6 (BRA-012793) a 14,3 t/ha (cv. Pojuca) (Tabela 3-A). Os destaques dentro dos outros gêneros foram a *B.brizantha* BRA-003441 (32,3 t/ha), o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (30,3 t/ha), o *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (20,5 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-004391 (16,0 t/ha).

Na condição de fertilidade inicial maior, os destaques em *Paspalum* spp. foram os genótipos BRA-012602, BRA-012793, BRA-012874, BRA-012921, BRA-018996, V-11802/1 e V-11884, com produções variando de 14,6 (BRA-012874) a 20,4 t/ha de MST (BRA-012602). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 12,8 t/ha de MST. Os cvs. Marandu (34,1 t/ha), Planaltina (36,6 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-003441 (27,9 t/ha) foram os destaques dentre os outros gêneros (Tabela 3-A).

Novamente, a *B.brizantha* BRA-003441 apresentou excepcional performance na condição de fertilidade inicial menor. As testemunhas, em geral, caracterizaram-se pela falta de resposta à condição de fertilidade inicial. No entanto, em *Paspalum* spp. foram registrados grandes aumentos (absolutos e relativos) na produção de forragem entre os genótipos que despontaram na condição de fertilidade inicial maior, em relação à produção de forragem na condição de fertilidade inicial menor (Tabela 3-A).

Quando considerada a média entre as duas condições de fertilidade inicial, os genótipos de *Paspalum* spp. que se destacaram positivamente foram: BRA-009610 (cv. Pojuca) (13,5 t/ha), BRA-012602 (16,9 t/ha), BRA-012645A (13,6 t/ha), BRA-012793 (16,4 t/ha), BRA-012874 (14,3 t/ha), BRA-012921 (15,0 t/ha) e V-11802/1 (15,1 t/ha), cujas médias situaram-se próximas da registrada pela *B.brizantha* BRA-004391(14,7 t/ha) e do *Panicum maximum* cv. Vencedor (11,6 t/ha). Porém, bem abaixo da registrada pelos cvs. Marandu (27,3 t/ha) e Planaltina (33,4 t/ha) (Tabela 3-A).

4.1.2.B.VIII. Produção de Massa Seca Total (MST) acumulada em duas estações chuvosas - Chuva 1992/93 e Chuva 1993/94

A produção de forragem acumulada nas duas estações chuvosas foi afetada ($P < 0,01$) por todas as causas de variação controladas. Da mesma forma, os contrastes entre gêneros (*Paspalum* versus Demais) e entre o cv. Pojuca e a média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. mostraram-se significativos ($P < 0,05$) (Tabela 2-A). A condição de fertilidade inicial maior permitiu, em média, maior ($P < 0,05$) acúmulo de forragem do que na condição de fertilidade inicial menor (18,9 versus 13,7 t/ha). A produção de forragem foi superior ($P < 0,05$), em média, nos genótipos testemunhas em comparação com os genótipos de *Paspalum* spp. (45,1 versus 14,4 t/ha) e em ambas as condições de fertilidade (fertilidade inicial maior: 50,1 versus 17,1 t/ha; menor: 40,2 versus 12,1 t/ha) (Figura 12).

Em *Paspalum* spp., as amplitudes para as médias de genótipos foram de 0,6 a 26,6 t/ha e de 0,7 a 46,2 t/ha, respectivamente, para a condição de fertilidade inicial menor e maior. Para os demais gêneros, as amplitudes foram de 21,2 a 66,3 t/ha e de 25,3 a 66,1 t/ha para a condição de fertilidade inicial menor e maior, respectivamente (Figura 12, Tabela 3-A). As menores médias registradas para o conjunto dos genótipos de *Paspalum* spp. na segunda estação chuvosa (1993/94) em relação à primeira estação chuvosa (1992/93), ao contrário do

registrado para as testemunhas, levaram à ampliação das diferenças entre o gênero *Paspalum* e os demais gêneros. Quando a análise é efetuada por genótipo, a existência de alguns poucos genótipos de *Paspalum* com elasticidade na resposta à melhoria da condição de fertilidade, deixou as diferenças, em relação às testemunhas, menos abissais (Figura 12, Tabela 3-A).

Na condição de fertilidade inicial menor destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-008630 (23,7 t/ha), BRA-009610 (cv. Pojuca) (26,6 t/ha), BRA-009652 (23,2 t/ha), BRA-012645A (23,3 t/ha), BRA-012793 (23,8 t/ha), BRA-014851 (24,0 t/ha) e os cvs. Planaltina (48,4 t/ha) e Marandu (33,4 t/ha), a *B.brizantha* BRA-003441 (66,3 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-004391 (31,5 t/ha) (Tabela 3-A).

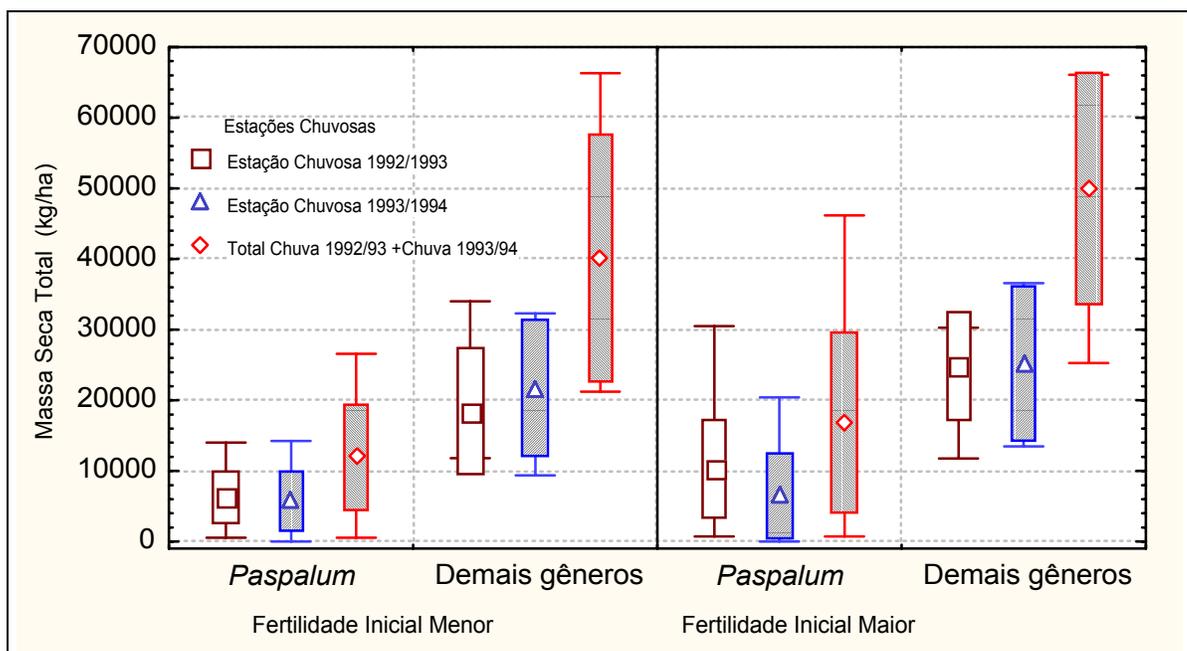


Figura 12. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) ao final das estações chuvosas 1992/93 e 1993/94, quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados. Símbolos indicam a média da coleção, as caixas indicam limites para a média da coleção \pm desvio padrão das médias dos

genótipos e as linhas horizontais os valores mínimo e máximo registrados pelas médias dos genótipos em cada variável.

Para a condição de fertilidade inicial maior, destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-009610 (cv. Pojuca) (36,9 t/ha), BRA-009652 (41,3 t/ha), BRA-012793 (45,4 t/ha), BRA-012921 (36,9 t/ha), BRA-018996 (46,2 t/ha) e os cv. Marandu (62,9 t/ha), Vencedor (44,1 t/ha) e Planaltina (66,1 t/ha), e a *B.brizantha* BRA-003441 (52,0 t/ha). A *B.brizantha* BRA-004391 apresentou decréscimo em seu desempenho na condição de fertilidade inicial maior. Já o *Panicum maximum* cv. Vencedor, ampliou a sua produção de forragem na condição de fertilidade inicial maior (21,2 t/ha para 44,1 t/ha) (Tabela 3-A).

As produções de forragem obtidas nas estações chuvosas variaram entre anos, sendo menores na segunda estação chuvosa. Em ambas as estações, no entanto, a produção de MST, em média, foi inferior às relatadas por Pizarro & Carvalho (1992) para genótipos cultivados num solo glei pouco húmico e num latossolo vermelho distrófico com adubações convencionais para pastagens. Apenas quando se considera a condição de fertilidade inicial maior e os genótipos com melhor desempenho é que se alcançaram produtividades equivalentes. Essas comparações dependem do universo de genótipos envolvidos, pois com uma metodologia comum a três coleções de *Paspalum* spp., Batista & Godoy (2000) relataram produções de MST na estação chuvosa variando de 7,1 a 17,1 t/ha de MST.

A resposta à condição de fertilidade inicial maior, em média, diminuiu da primeira estação chuvosa para a segunda estação chuvosa para os genótipos de *Paspalum* spp., podendo ser um indicativo de limitação na fertilidade do solo para sustentar altas produções em genótipos de *Paspalum* spp. que evidenciaram maior exigência em fertilidade. Vilela et al. (1998) enquadraram o *Paspalum atratum* cv. Pojuca no rol das espécies exigentes em fertilidade, assim como os cv. Marandu e Vencedor. O cv. Marandu manteve altas produções e sustentou diferenciais entre as duas condições de fertilidade inicial, o mesmo não ocorrendo com o *Panicum maximum* cv. Vencedor. Assim, a coleção de *Paspalum* spp. teve

padrão de comportamento semelhante ao verificado para o *Panicum maximum* cv. Vencedor, cuja espécie caracteriza-se por maior exigência em fertilidade (EMBRAPA Cerrados, 1990) e com menor eficiência de aquisição de nutrientes.

Na produção de massa seca total (MST) ao final das estações chuvosas (MST-CHUVA92/93 ou MST-CHUVA93/94), repetiu-se a tendência de comportamento apontada pela MST-REB45, em que a condição de fertilidade inicial maior proporcionou maiores produções de forragem na coleção, sendo que nos genótipos de *Paspalum* spp. foi ampliada a faixa de variação pela existência de genótipos bastante responsivos e que tiveram sua produção de MST equivalente à produção de algumas das testemunhas. Todavia, as listas com os genótipos de destaque sofreram alterações, tanto pela variação na condição de fertilidade como pela variação entre anos, indicando forte interação genótipo x fertilidade nas avaliações. Além disso, a relação dos genótipos com maior destaque pela produção de MST-REB45 não foi a mesma verificada nas avaliações ao final das estações chuvosas.

A interação ano x genótipo não é desejável. No entanto, a interação genótipo x fertilidade pode ser explorada porque sugere alguma especialização com a resposta diferenciada apresentada. Por outro lado, sugere também baixa capacidade de resposta por parte dos genótipos que se destacaram na condição de menor fertilidade inicial e que não se mantiveram como destaques na condição de fertilidade inicial maior. Como a tendência da maioria dos sistemas de produção sustentáveis e daqueles integrados com a agricultura é a progressiva melhoria das condições do solo, é desejável dispor de plantas forrageiras com capacidade e elasticidade de resposta para a produção de forragem em cenários mais favoráveis.

Na condição de fertilidade inicial menor, o desempenho superior da *B.brizantha* BRA-003441, tanto na primeira como na segunda estação chuvosa, ampliou o distanciamento entre as médias das testemunhas e os genótipos de *Paspalum* spp.. Na condição de fertilidade inicial maior, a produção de MST pelas testemunhas (nas duas avaliações) não apresentou grandes diferenciais em

relação a condição de fertilidade inicial menor, sugerindo que os genótipos já haviam atingido o seu teto de produção ou talvez porque passaram por restrições hídricas (80% da série histórica), sem potencializar a resposta à maior oferta de nutrientes.

Na segunda estação chuvosa (chuva 1993/94), os genótipos de *Paspalum* spp. também não conseguiram apresentar o mesmo patamar e amplitude de variação da produção de MST da primeira estação chuvosa (MST-CHUVA92/93). Mesmo assim, a condição de fertilidade inicial maior possibilitou uma maior aproximação entre os desempenhos dos genótipos superiores de *Paspalum* spp. do desempenho das testemunhas.

Mesmo com as variações na produção de MST entre anos e o efeito da condição de fertilidade inicial, alguns genótipos apresentaram desempenho superior tanto na condição de fertilidade inicial maior como na condição de fertilidade inicial menor, quando considerada a produção acumulada nas duas estações chuvosas, graças à regularidade dos mesmos na produção de forragem.

Portanto, há nos genótipos de *Paspalum* spp. uma dependência da fertilidade para melhor expressão de sua produção de forragem na estação chuvosa que, por sua vez, acentuará a estacionalidade da produção de forragem. Para assegurar produções de forragem competitivas com a dos genótipos comerciais, ficou evidente a impossibilidade de compatibilizar baixa estacionalidade da produção com altas produções de forragem nesta coleção para os genótipos de *Paspalum* spp..

4.1.2.B.IX. Produção de Massa Seca Total (MST) acumulada ao longo da fase de estabelecimento, das estações secas (1992 e 1993) e das estações chuvosas (1992/93 e 1993/94)

A forragem acumulada no conjunto das avaliações chuvosas foi influenciada ($P < 0,01$) por todas as causas de variação controladas (genótipo, fertilidade e interação genótipo-fertilidade) (Tabela 2-A). Na condição de fertilidade

inicial maior ocorreu, em média, maior ($P < 0,05$) acúmulo de forragem do que na condição de fertilidade inicial menor (24,4 *versus* 17,4 t/ha). A produção de forragem foi maior nos genótipos testemunhas em comparação com os genótipos de *Paspalum* spp. (54,5 *versus* 19,2 t/ha). As médias registradas pelos genótipos testemunhas e por *Paspalum* em cada condição de fertilidade foram: fertilidade inicial maior – 62,5 *versus* 22,1 t/ha; fertilidade inicial menor: 46,6 *versus* 15,6 t/ha (Figura 13).

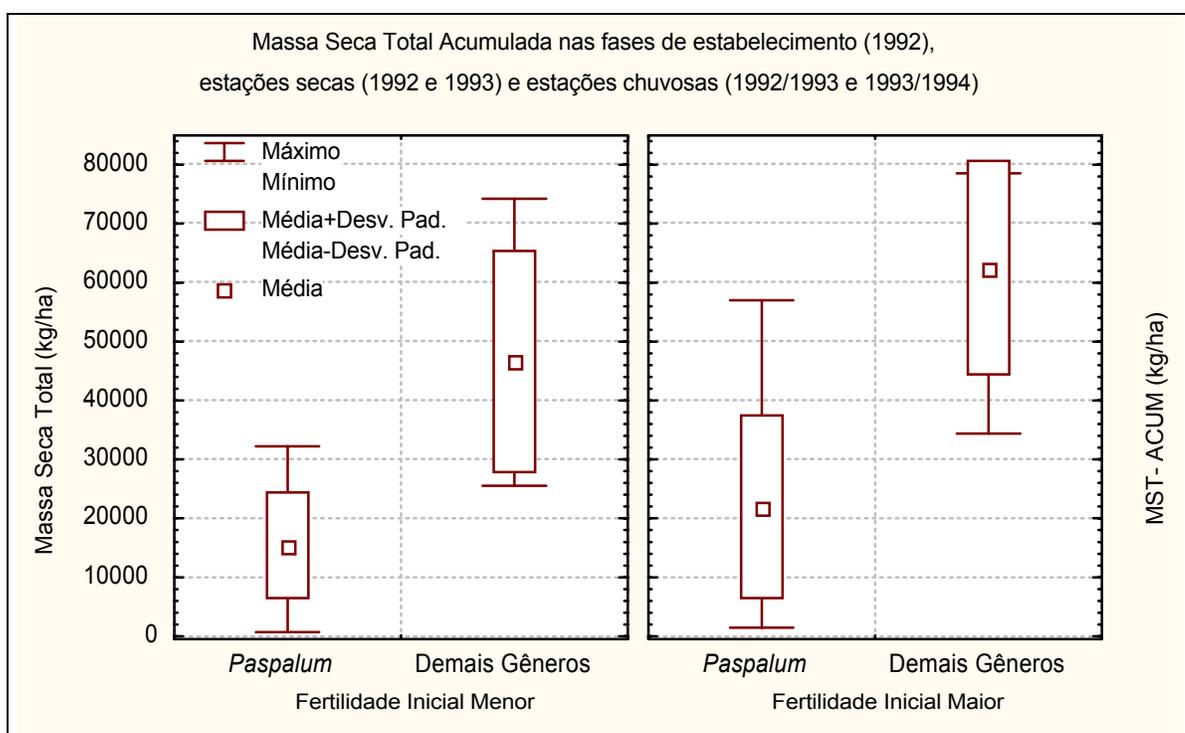


Figura 13. Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) no conjunto das avaliações efetuadas ao final da fase de estabelecimento, das estações secas (1992 e 1993) e das estações chuvosas (1992/93 e 1993/94), quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados.

As amplitudes para as médias de genótipos foram de 0,7 a 34,4 t/ha e de 1,6 a 57,0 t/ha, respectivamente, para a condição de fertilidade inicial menor e

maior em *Paspalum* spp.. Para os demais gêneros, as amplitudes foram de 25,5 a 74,2 t/ha e de 34,4 a 78,6 t/ha para a condição de fertilidade inicial menor e maior, respectivamente (Figura 13, Tabela 3-A).

Na condição de fertilidade inicial menor, destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-009610 (cv. Pojuca) (32,2 t/ha), BRA-012921 (34,4 t/ha), BRA-013978 (31,0 t/ha), BRA-014851 (30,5 t/ha), V-11802/1 (32,0 t/ha) e V-11843 (29,9 t/ha), e os cvs. Planaltina (55,3 t/ha) e Marandu (37,8 t/ha), a *B.brizantha* BRA-003441 (74,2 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-004391 (39,9 t/ha) (Tabela 3-A).

Para a condição de fertilidade inicial maior, destacaram-se os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-009610 (cv. Pojuca) (45,9 t/ha), BRA-009652 (55,9 t/ha), BRA-012483 (49,8 t/ha), BRA-012602 (54,1 t/ha), BRA-012793 (57,0 t/ha), BRA-012921 (49,8 t/ha), BRA-018996 (55,3 t/ha) e os cv. Marandu (78,6 t/ha), Vencedor (61,0 t/ha) e Planaltina (78,4 t/ha), e a *B.brizantha* BRA-003441 (60,1 t/ha). A *B.brizantha* BRA-004391 registrou a menor produção (34,4 t/ha) entre as testemunhas, porém ainda superou a média dos genótipos de *Paspalum* spp.. (Tabela 3-A).

Nesta análise cumulativa da produção, se considerada a pequena magnitude das diferenças observadas nas estações secas, deduz-se que os diferenciais conseguidos nas estações chuvosas foram determinantes. Além disso, a regularidade entre as avaliações também foi decisiva. Como exemplo, o genótipo BRA-012483 (49,8 t/ha) somente na análise do conjunto das avaliações veio a figurar numa relação como destaque. Alguns genótipos variaram bastante suas produções entre as avaliações e se destacaram apenas em alguns momentos do experimento, não figurando como destaque para a produção cumulativa da forragem. Os demais genótipos que compõem a lista de destaques para o total produzido, em grande parte figuraram como destaques em relações anteriores para as avaliações parciais que compõem a variável produção total acumulada no período. Vale ressaltar a expressiva produção alcançada pelo genótipo de *B.brizantha* BRA-003441 na condição de fertilidade inicial menor (74,2 t/ha).

A massa seca total produzida ao longo do experimento atesta a regularidade e o potencial de produção dos genótipos. As maiores produções de forragem apresentadas pelos genótipos testemunhas nas sucessivas avaliações, levaram à ampliação das diferenças em relação aos genótipos de *Paspalum* spp. no conjunto das avaliações. Os diferenciais de produção impostos nas estações chuvosas foram os principais determinantes, uma vez que a estação seca foi bastante restritiva para toda a coleção.

Para um experimento desta natureza, a longa duração do período experimental foi oportuna pois permitiu a exposição às variações do clima e à avaliação da regularidade na produção, esta última indicada pela produção cumulativa da forragem do experimento. Os genótipos que mais figuraram como destaques, especialmente na estação chuvosa, foram os que despontaram na produção cumulativa. Todavia, pela regularidade, genótipos que não ocuparam lugar de destaque nas listas parciais de cada avaliação, puderam figurar na relação com a produção acumulada. Isto porque muitos genótipos de *Paspalum* spp. apresentaram baixa produção de forragem no estabelecimento e na última estação chuvosa. Pelo efeito da interação genótipo x fertilidade, vários dos genótipos que se destacaram na condição de fertilidade inicial menor não figuraram na lista dos destaques para a condição de fertilidade inicial maior. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca, pela sua regularidade e produtividade figurou como destaque nas duas condições, assim como o genótipo BRA-012921.

A máxima produção acumulada registrada em *Paspalum* spp. permitiu alcançar apenas a testemunha com menor produção (*B.brizantha* BRA-004391). Ocorreram aproximações na produção de forragem em relação a *Brachiaria brizantha* cv. Marandu na condição de menor fertilidade e em relação ao *Panicum maximum* cv. Vencedor na condição de maior fertilidade.

Vale salientar que no confronto do conjunto dos genótipos de *Paspalum* spp. com as testemunhas, o desempenho dos genótipos superiores dilui-se por conta do número excessivo de genótipos com baixa produção de forragem. Além disso, as testemunhas são produtos de anos de pesquisa, foram selecionadas e

apresentam grande adaptação ao ecossistema dos Cerrados (Nunes et al., 1985; EMBRAPA Cerrados, 1990). Nesta coleção, a quase totalidade dos genótipos de *Paspalum* spp. está sendo submetida ao seu primeiro crivo de seleção para a produção de forragem, com muitos deles provenientes de regiões não homólogas quanto ao clima e solo. Mesmo assim, quando da análise restrita aos genótipos de *Paspalum* spp., verifica-se que os genótipos que se destacaram em produção, apresentaram comportamento muito acima da média da coleção ou do grupo de genótipos de *Paspalum* spp., dando margem para ganhos expressivos em produtividade de forragem com o processo de seleção. Também o *Paspalum atratum* cv. Pojuca, a principal referência, foi por várias vezes superado por genótipos da coleção nas avaliações individuais.

4.1.2.B.X. Teor de Proteína Bruta na Massa Seca Total (PB-REB45) acumulada na rebrota de 45 dias no início da estação chuvosa 1992/93.

Esta variável não foi submetida à análise de variância uma vez que não se dispunha de repetições, pois o material colhido de cada genótipo foi agrupado por condição de fertilidade, formando uma amostra composta por genótipo.

Na Figura 14 verifica-se que os teores de proteína bruta (PB), em média, foram menores nos genótipos de *Paspalum* spp. nas duas condições de fertilidade (*Paspalum* versus demais gêneros). Nos genótipos do gênero *Paspalum*, assim como nos genótipos dos demais gêneros, a resposta média foi semelhante entre as condições de fertilidade (*Paspalum*: 9,4 versus 9,3; Demais gêneros: 11,4 versus 11,0). No entanto, merece destacar que a amplitude de variação nos teores de PB em *Paspalum* spp. foi bastante elevada (Menor: 6,9 a 13,5%; Maior: 5,8 a 13,4% PB), abrangendo (ou quase) os valores registrados pelos demais gêneros (Menor: 9,2 a 13,6%; Maior: 8,6 a 12,8% PB) (Figura 14).

Os genótipos BRA-005088, BRA-005819, BRA-008567, BRA-008877, BRA-008923, BRA-010154, BRA-010537, BRA-012424, V-11843 e o *Panicum*

maximum cv. Vencedor foram os destaques positivos na condição de fertilidade inicial menor, com valores para PB variando entre 11,3 (BRA-005088) e 13,5% (BRA-005819). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca apresentou valor médio de 7,9% para PB (Tabela 3-A).

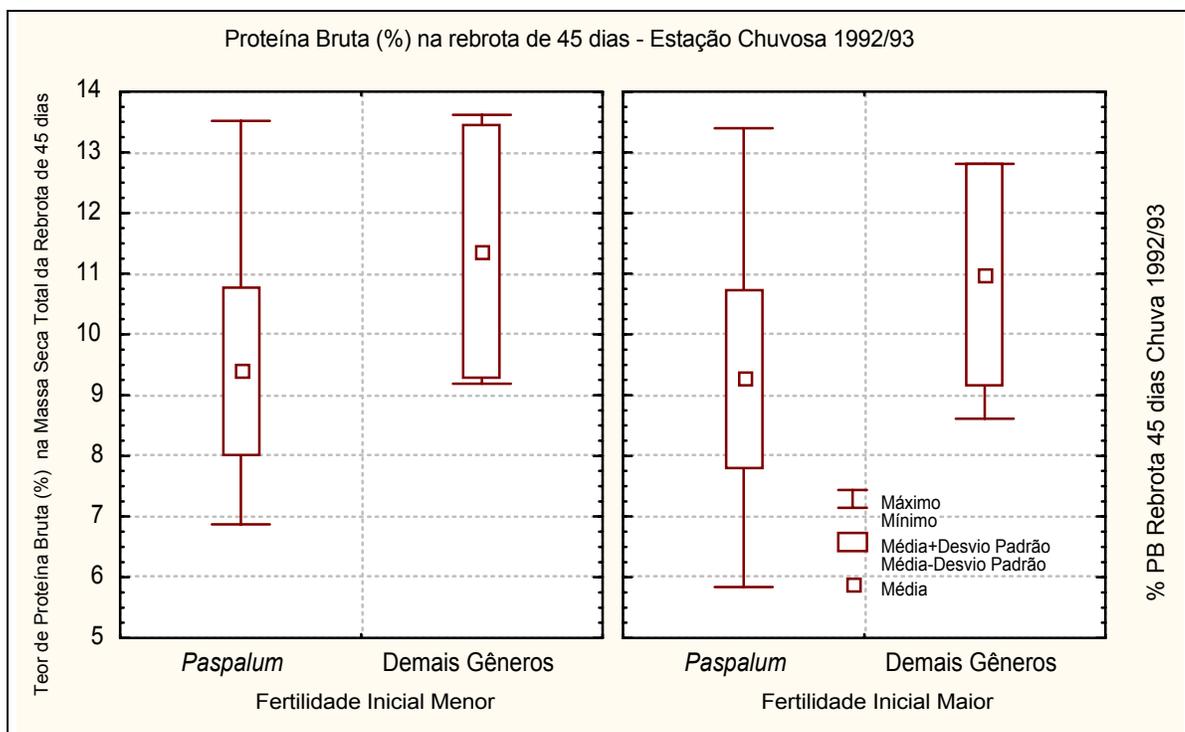


Figura 14. Teor de proteína bruta (%) na Massa Seca Total (parte aérea >20 cm) acumulada em 45 dias no início da estação chuvosa (1992/93) por genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados.

Na condição de fertilidade inicial maior, os genótipos BRA-005819, BRA-009415, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-009784, BRA-010537, BRA-011282, BRA-012424, BRA-012521 e *Panicum maximum* cv. Vencedor foram os destaques, com amplitude de variação entre 10,2 (cv. Pojuca) e 13,4% de PB (BRA-009415) (Tabela 3-A).

Verificou-se que as relações dos genótipos que se destacaram não são coincidentes, sugerindo forte interação genótipo-fertilidade. Além disso, observou-se que grande parte dos genótipos ainda não havia figurado como destaque em outras relações, para outras variáveis.

Na coleção de *Paspalum* spp., em média, os teores de PB na forragem (9,3 %) superaram os valores obtidos por genótipos promissores (8,4 %) anteriormente selecionados no mesmo local de avaliação desta coleção (Pizarro & Carvalho, 1992), bem como os valores registrados por Kalmbacher et al. (1997a) na Flórida como o *Paspalum atratum* cv. Suerte (5,7 % após 42 dias), e no Brasil com o *Paspalum atratum* cv. Pojuca (7,6 % com 42 dias de crescimento) (Leite & Fernandes, 1999). Quando considerados os teores de PB na forragem do cv. Pojuca neste experimento (9,0%) e os resultados de outros experimentos, tem-se a indicação que apesar da variabilidade reunida nas coleções de *Paspalum* spp., nos genótipos com mérito para a produção de forragem o teor de PB experimenta rápido declínio com a idade, a qual depende do genótipo e da sua interação com o ambiente (Buxton & Fales, 1994). Em Rondônia, pastagens de *Paspalum* spp. diferidas em abril, mesmo ao final da estação seca (setembro) apresentaram em média 6,3 % de teor de PB, sendo de 7,1 % o teor de PB para o cv. Pojuca, equivalendo aos teores de PB registrados por Leite & Fernandes (1999) para 49 dias de crescimento livre na estação das águas em Planaltina-DF.

4.1.2.B.XI. Digestibilidade *in vitro* da massa seca (DIVMS-REB45) da forragem acumulada na rebrota de 45 dias no início da estação chuvosa 1992/93.

Esta variável também não foi submetida à análise de variância, uma vez que não se dispunha de repetições por genótipo.

Verificou-se que, em média, a DIVMS foi menor nos genótipos de *Paspalum* spp. nas duas condições de fertilidade. Assim como foi registrado para o teor de PB, a DIVMS nos genótipos do gênero *Paspalum* e no conjunto

daqueles dos demais gêneros apresentou resposta média semelhante entre as condições de fertilidade (*Paspalum* spp.: 45,7% versus 46,7%; Demais gêneros: 58,4% versus 56,7%). Da mesma forma que o verificado para a PB, a amplitude de variação na DIVMS em *Paspalum* spp. foi bastante elevada (Fertilidade inicial Menor: 31,4 a 61,4%; Maior: 28,5 a 64,1% de DIVMS), abarcando quase todos os valores obtidos pelos genótipos dos demais gêneros (Menor: 47,0 a 65,9%; Maior: 52,5 a 61,9% de DIVMS) (Figura 15, Tabela 3-A).

Os genótipos BRA-003824 (61,4%), BRA-005819 (55,8%), BRA-006572 (57,3%), BRA-009610 (cv. Pojuca) (56,3%), BRA-014851 (58,8%), BRA-018996 (57,8%) e os cvs. Marandu (65,9%), Vencedor (56,5%), a *B.brizantha* BRA-003441 (59,5%) e a *B.brizantha* BRA-004391 (63,2%) foram os destaques positivos na condição de fertilidade inicial menor (Tabela 3-A).

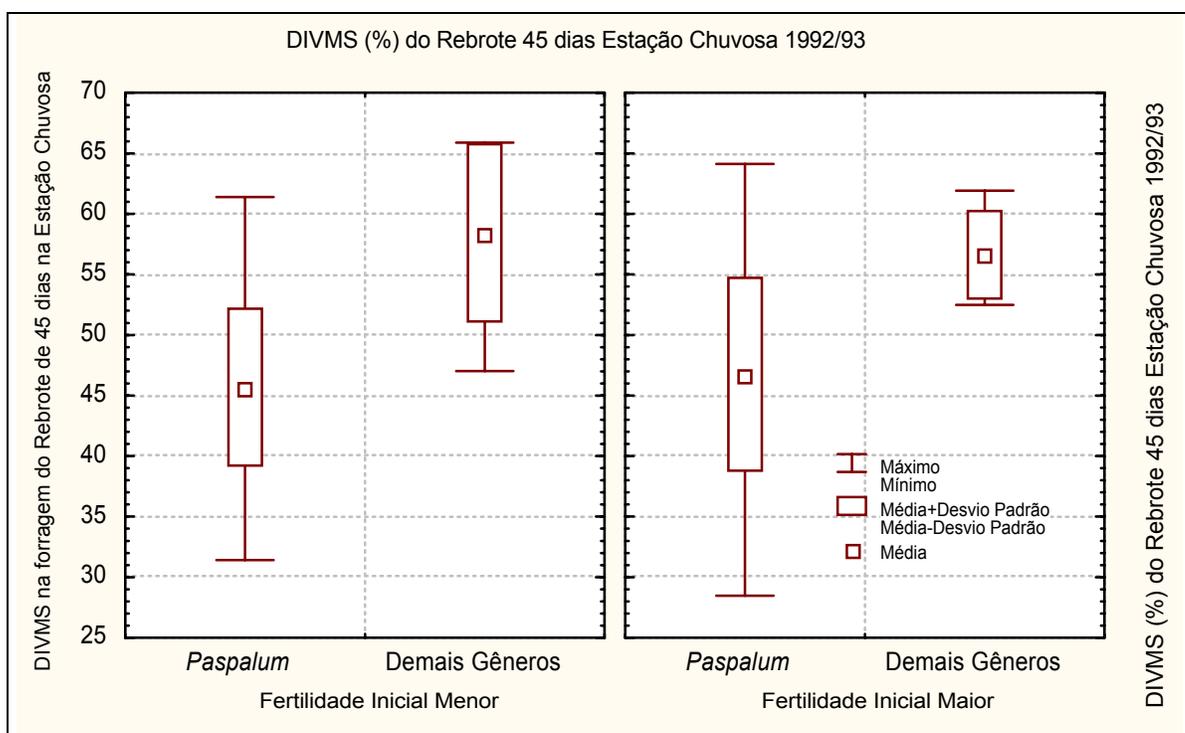


Figura 15. Digestibilidade *In Vitro* da Matéria Seca (%) da parte aérea (>20 cm) na forragem acumulada em 45 dias no início da estação chuvosa (1992/93) por

genótipos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) quando avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) num ambiente dos Cerrados.

Os destaques positivos na condição de fertilidade maior foram os genótipos BRA-003824 (64,1%), BRA-006572 (59,6%), BRA-008648 (59,3%), BRA-009415 (59,9%), BRA-009610 (cv. Pojuca) (57,8%), BRA-010537 (58,7%), BRA-014851 (63,6%), BRA-014907 (59,5), BRA-018996 (63,5%) e entre as testemunhas a *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (61,9%) e a *B.brizantha* BRA-004391 (58,3%) (Tabela 3-A). Observou-se que parte dos genótipos já havia figurado como destaque para outras variáveis. Entre os genótipos com maior DIVMS, há genótipos que também se destacaram na condição de fertilidade inicial menor. Todavia, quando a lista é confrontada com os genótipos que se destacaram no tocante ao teor de PB, constata-se que são poucos os genótipos comuns (BRA-005819, BRA-009415, BRA-009610, BRA-010537) às duas variáveis.

A DIVMS na coleção de *Paspalum* spp. (média 46,2) situou-se abaixo da média de outras coleções avaliadas por Pizarro & Carvalho (1992) e daquela obtida com o cv. Suerte (52,0 a 57,8 %) (Kalmbacher et al., 1997a,b) na Flórida. O valor médio registrado pelo cv. Pojuca (57,0 %) situou-se abaixo do obtido (62,3 %) por Leite & Fernandes (1999) para o mesmo cultivar em diferentes idades. Embora não seja elevada, a DIVMS da forragem em *Paspalum* spp. parece não ser tão crítica quanto o teor de PB. Além disso, há ampla variabilidade genética (30,5 a 62,8 %) capaz de ser compatibilizada com a produção de forragem.

Em média, tanto o teor de proteína bruta (PB) como a digestibilidade *in vitro* da massa seca (DIVMS) foram menores nos genótipos de *Paspalum* spp.. Contudo, a coleção dispõe de variabilidade, indicada em parte pela amplitude de valores, principalmente na condição de fertilidade inicial maior para a DIVMS. Assim, foi possível que genótipos de *Paspalum* spp. alcançassem (na fertilidade

inicial menor) e superassem (na fertilidade inicial maior) os valores registrados pelas testemunhas de outros gêneros.

Nas informações sobre o valor nutritivo, algumas tendências puderam ser observadas. Os genótipos com melhores índices analíticos (PB ou DIVMS) não eram comuns às duas condições de fertilidade, sugerindo algum efeito de interação. Os genótipos que despontaram quanto ao teor de PB nem sempre apresentaram maior DIVMS, com a recíproca sendo verdadeira. Entre os genótipos com maiores teores de PB ou DIVMS da forragem não foi comum a presença de genótipos que tenham se destacado com relação à produção de forragem. Os genótipos com destaque para a produção de forragem quase sempre tiveram valores intermediários para os teores de PB e para a DIVMS.

Nos genótipos que se destacaram pela alta produção de forragem, estas limitações qualitativas poderão ser transpostas com manejo mais frequente das desfolhações. Tanto que se considerada apenas a produção de forragem na rebrota de 45 dias, verifica-se que os genótipos que se destacaram pelo rápido acúmulo de forragem, não apresentaram índices analíticos desfavoráveis para a PB e para a DIVMS.

A análise integrada dessa informação acerca do valor nutritivo com a obtida noutras variáveis, permite sugerir ainda que os genótipos com maiores produções de forragem na estação seca, salvo poucas exceções, foram os que apresentaram menor valor nutritivo na rebrota de 45 dias da estação chuvosa. Logo, nessa condição ambiental extrema (seca e frio), estes índices tendem a piorar, principalmente numa eventual utilização em pastejo diferido. Observou-se ainda que a frequência dos genótipos de *Paspalum* spp. que apresentaram alta produção de forragem na estação seca e alto valor nutritivo na rebrota das águas, aumentou quando a condição de fertilidade inicial era baixa. Porém, quando considerada toda a coleção, constatou-se que a DIVMS só guarda alguma associação positiva com as produções nas estações chuvosas, sendo nula ou negativa com as produções nas estações secas, enquanto que o teor de PB tem correlação negativa baixa com as produções de massa seca total na estação seca

e nula com as produções de massa seca na estação chuvosa. A associação entre o teor de PB e a DIVMS foi baixa e positiva na coleção (Tabelas 14 e 17 adiante).

A questão ligada ao valor nutritivo de *Paspalum* spp. é essencial nesta coleção, pois há variabilidade reunida, porém nem sempre integrada com outros atributos desejáveis. As futuras introduções deverão ser melhor avaliadas visando uma melhor combinação para o binômio produção - qualidade. Apesar disso, há genótipos com produções de forragem que não diferem do cv. Pojuca e com alta DIVMS (e.g. BRA-003824, BRA-014851, BRA-018996) ou alto teor de PB (BRA-010537, BRA-013927) que poderão ter suas produções otimizadas com estratégias de manejo do pastejo ou de adubação.

Os resultados acerca do valor nutritivo da forragem em *Paspalum* spp. na estação chuvosa, apontaram, preliminarmente, limitações quanto ao mérito forrageiro de vários genótipos com alta produção de forragem e apontaram lacunas no conhecimento. No entanto, é necessário acautelar-se, pois a abrangência que o termo valor nutritivo representa, foi contemplada apenas de forma exploratória nas avaliações desta coleção. Alguns dos genótipos poderão apresentar indicadores mais favoráveis do seu valor nutritivo quando considerado um período de crescimento menor.

Da mesma forma, mesmo com a superioridade apresentada por alguns genótipos, quanto aos dois indicadores do valor nutritivo considerados, aqueles selecionados ainda deverão passar por provas de aceitabilidade com animais e análises químico-bromatológicas mais detalhadas para prosseguimento dentro do programa de avaliação.

4.1.3. Correlação entre variáveis

Na Tabela 11 são apresentados os coeficientes de correlação linear simples (r) para as variáveis ligadas à fase de estabelecimento e à produção de forragem incluindo os genótipos testemunhas. Em geral, foram poucos os coeficientes de correlação não significativos ($P>0,05$). Todavia, os valores de r foram baixos ou intermediários dentre aqueles com significância ($P<0,05$), exceto para as variáveis cujas relações são óbvias (e.g. MST-Seca 93 e MST-Secas 1992+1993). Em ambas as condições de fertilidade as correlações seguiram a mesma tendência, porém com algumas diferenças na magnitude da correlação.

Verificaram-se maiores coeficientes de correlação positiva ($r>0,95$) entre a produção de forragem acumulada no conjunto das avaliações (MST-ACUM) e as produções registradas na estações chuvosas 1992/93 e 1993/94 (MST-CHUVA92/93 e MST-CHUVA93/94), quando comparadas com as correlações verificadas com as produções na estação seca (MST-SECA92 e MST-SECA93) ($0,56<r<0,75$), indicando a maior associação da estação chuvosa com a performance produtiva dos genótipos ao longo dos anos.

Com valores positivos e de magnitude intermediária ($0,46-0,70$), os coeficientes de correlação positivos entre as produções registradas nas estações chuvosas e nas estações secas sugerem vinculação, porém em menor escala na condição de fertilidade inicial menor ($0,46-0,55$). Apesar dessa associação direta, como há grandes diferenciais nas produtividades entre as estações chuvosas e secas, persiste a estacionalidade na produção de forragem.

Em geral, maior MST-EST92 esteve associada a maior produção de forragem nas estações chuvosas e nas estações secas, sendo que nestas últimas (secas) a associação foi mais fraca na condição de fertilidade inicial menor.

A produção de MVS-SECA92 não guardou associação com a MSS-SECA92 na condição de fertilidade inicial maior e apenas fracamente na condição de fertilidade inicial menor. Com isso, MVS-SECA92 guardou maior relação com a produção de forragem nas estações secas do que a variável MSS-SECA92 na condição de fertilidade inicial maior. Na condição de fertilidade inicial menor,

houve maior equilíbrio na associação da produção nas estações secas, que correlacionou-se com a MVS-SECA92 e com a MSS-SECA92.

Na condição de fertilidade inicial maior, a variável MSS-SECA92 apresenta baixa ou nula correlação com vários indicadores da produção de forragem. No entanto, merecem destaque as correlações negativas entre a participação relativa do material senescido na forragem ao final da seca (%MSS-SECA92) e as demais variáveis ligadas à produção, seja na fase de estabelecimento, vigor da rebrota,

Tabela 11. Matriz de coeficientes de correlação linear simples (r - Pearson) e probabilidades (p =alpha; $H_0: r = 0$) entre variáveis ligadas à fase de estabelecimento e à produção de forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados em duas condições de fertilidade inicial do solo (MAIOR e MENOR). Valores acima e abaixo da diagonal são relativos à condição de fertilidade inicial do solo MAIOR e MENOR, respectivamente, considerando-se os registros por repetição. Valores da diagonal principal (emoldurados) são relativos a estimativa para a mesma variável quando consideradas as médias na condição de fertilidade MAIOR e MENOR (N=88). Valores de r não significativos ($P > 0.05$) estão em **negrito**. Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Fertilidade Inicial MENOR (N=139 a 176)	Fertilidade Inicial MAIOR (N=148 a 176)												
	COB-EST92	MST-EST92	MVS-SECA92	MSS-SECA92	MST-SECA92	%MSS-SECA92	MST-SECA93	MST-SECAS	MST-REB45	MST-CHUVA92/93	MST-CHUVA93/94	MST-CHUVAS	MST-ACUM
COB-EST92	0,52 p=0,001	0,65 p=0,001	0,31 p=0,001	-0,04 p=0,610	0,29 p=0,001	-0,23 p=0,002	0,22 p=0,004	0,28 p=0,001	0,45 p=0,001	0,44 p=0,001	0,40 p=0,001	0,44 p=0,001	0,49 p=0,001
MST-EST92	0,69 p=0,001	0,80 p=0,001	0,41 p=0,001	0,02 p=0,820	0,41 p=0,001	-0,22 p=0,005	0,21 p=0,006	0,36 p=0,001	0,59 p=0,001	0,64 p=0,001	0,58 p=0,001	0,63 p=0,001	0,70 p=0,001
MVS-SECA92	0,13 p=0,081	0,39 p=0,001	0,58 p=0,001	-0,01 p=0,850	0,97 p=0,001	-0,65 p=0,001	0,75 p=0,001	0,94 p=0,001	0,68 p=0,001	0,70 p=0,001	0,65 p=0,001	0,69 p=0,001	0,74 p=0,001
MSS-SECA92	0,04 p=0,634	-0,01 p=0,906	0,18 p=0,014	0,30 p=0,005	0,23 p=0,002	0,36 p=0,001	0,15 p=0,046	0,21 p=0,005	0,09 p=0,237	0,06 p=0,435	0,10 p=0,229	0,07 p=0,353	0,08 p=0,344
MST-SECA92	0,11 p=0,165	0,21 p=0,013	0,72 p=0,001	0,82 p=0,001	0,73 p=0,001	-0,54 p=0,001	0,77 p=0,001	0,97 p=0,001	0,68 p=0,001	0,70 p=0,001	0,65 p=0,001	0,69 p=0,001	0,74 p=0,001
%MSS-SECA92	-0,10 p=0,185	-0,20 p=0,015	-0,57 p=0,001	0,40 p=0,001	-0,05 p=0,476	0,11 p=0,287	-0,52 p=0,001	-0,56 p=0,001	-0,57 p=0,001	-0,53 p=0,001	-0,44 p=0,001	-0,51 p=0,001	-0,52 p=0,001
MST-SECA93	-0,05 p=0,550	0,11 p=0,197	0,64 p=0,001	0,29 p=0,001	0,58 p=0,001	-0,28 p=0,001	0,86 p=0,001	0,90 p=0,001	0,53 p=0,001	0,56 p=0,001	0,63 p=0,001	0,61 p=0,001	0,62 p=0,001
MST-SECAS (SECA92+SECA93)	0,05 p=0,538	0,19 p=0,027	0,77 p=0,001	0,69 p=0,001	0,94 p=0,001	-0,15 p=0,049	0,82 p=0,001	0,83 p=0,001	0,66 p=0,001	0,69 p=0,001	0,69 p=0,001	0,71 p=0,001	0,74 p=0,001
MST-REB45	0,38 p=0,001	0,65 p=0,001	0,79 p=0,001	0,18 p=0,019	0,59 p=0,001	-0,40 p=0,001	0,48 p=0,001	0,61 p=0,001	0,65 p=0,001	0,88 p=0,001	0,76 p=0,001	0,85 p=0,001	0,87 p=0,001
MST-CHUVA92/93	0,38 p=0,001	0,66 p=0,001	0,67 p=0,001	0,22 p=0,003	0,55 p=0,001	-0,28 p=0,001	0,47 p=0,001	0,58 p=0,001	0,90 p=0,001	0,77 p=0,001	0,86 p=0,001	0,96 p=0,001	0,96 p=0,001
MST-CHUVA93/94	0,26 p=0,001	0,57 p=0,001	0,53 p=0,001	0,22 p=0,004	0,46 p=0,001	-0,19 p=0,010	0,55 p=0,001	0,55 p=0,001	0,75 p=0,001	0,85 p=0,001	0,89 p=0,001	0,96 p=0,001	0,95 p=0,001
MST- CHUVAS (CHUVA92/93+CHUVA93/94)	0,33 p=0,001	0,63 p=0,001	0,61 p=0,001	0,23 p=0,002	0,52 p=0,001	-0,24 p=0,001	0,53 p=0,001	0,59 p=0,001	0,85 p=0,001	0,96 p=0,001	0,97 p=0,001	0,85 p=0,001	0,99 p=0,001
MST-ACUM (EST92 + 2 SECAS + 2 CHUVAS)	0,37 p=0,001	0,66 p=0,001	0,70 p=0,001	0,26 p=0,002	0,57 p=0,001	-0,25 p=0,003	0,56 p=0,001	0,64 p=0,001	0,87 p=0,001	0,96 p=0,001	0,96 p=0,001	1,00 p=0,001	0,86 p=0,001

estação chuvosa ou estação seca (obviamente exceto para MSS-SECA92), sugerindo ser um indicador de performance negativa para a coleção. O mesmo comportamento da variável %MSS-SECA92 foi registrado na condição de fertilidade inicial menor, sendo as correlações de menor magnitude. Todavia, MSS-SECA92 apresentou maiores coeficientes de correlação, ainda que baixos, com os vários indicadores da produção de forragem.

Quando considerada a associação entre as médias de uma mesma variável nas duas condições de fertilidade (diagonal da Tabela 11), verifica-se que a variável %MSS-SECA92 apresentou coeficiente de correlação não significativo ($P > 0,05$), sugerindo comportamento diferenciado entre as condições de fertilidade, ou seja, algum efeito de interação (qualitativa, alteração no ranking dos genótipos) na resposta à fertilidade do solo ou efeito. Por sua vez, as demais variáveis apresentaram associação de seus comportamentos nas duas condições de fertilidade, as quais podem caracterizar diversas situações de comportamento para a coleção, tais como ausência de resposta à condição de fertilidade, ou resposta à fertilidade sem o efeito da interação, interação quantitativa (alteração da magnitude das respostas), dentre outros. Portanto, de complexa interpretação. Todavia, os resultados apresentados para cada variável em 3.2.1.B são esclarecedores a este respeito, assim como as informações contidas na Tabela 3-A.

Não foram observadas correlações de grande magnitude ou que estabelecessem associação não convencional entre as variáveis, talvez pelo pequeno número de variáveis consideradas e pela óbvia associação que muitas delas mantêm e cuja relação já foi contemplada anteriormente na discussão das variáveis.

Verificou-se também a ausência de correlação entre a produção de MVS e a produção de MSS na condição de fertilidade inicial maior, explicada pelo efeito da fertilidade favorecendo o acúmulo de forragem verde, sem incrementos de mesma magnitude no acúmulo de material senescido.

4.1.4. Análise de componentes principais

A análise foi efetuada por condição de fertilidade do solo, uma vez que a análise de variância multivariada do conjunto de variáveis selecionadas apontou efeito significativo ($P < 0,01$) global da condição de fertilidade e da interação grupo de genótipo x fertilidade, o mesmo sendo verificado individualmente na análise univariada para diversas das variáveis.

4.1.4.A. Fertilidade Inicial Menor

Na Tabela 12 é apresentado o perfil dos componentes principais (CP's) extraídos para a condição de fertilidade inicial menor, com base na média registrada por genótipo para as variáveis selecionadas.

A extração de quatro CP's para o conjunto das variáveis da coleção permitiu que a variância fenotípica fosse explicada em 83,85% da total. Com base no critério de que cada CP deve exprimir no mínimo a variância unitária, tem-se que quatro CP's seriam suficientes para representação sumarizada da coleção nesta condição de fertilidade. Todavia, cinco CP's seriam necessários, se considerado como critério a análise da tendência de estabilização dos incrementos da variância acumulada (Figura 16). No compromisso com a síntese da informação e a representatividade do perfil da coleção, quatro CP's foram considerados, uma vez que o limite de 80% é considerado admissível para este propósito.

Cada CP apresenta um perfil determinado pelos coeficientes dos autovetores para cada variável (Tabela 12). O valor absoluto do coeficiente identifica as variáveis que prevalecem na contribuição para a variância representada pelo CP. Essa informação também pode ser obtida da análise do coeficiente de correlação de cada variável com o componente principal (Factor

Loading), que relativiza, de certo modo, a informação por componente principal (Tabela 13). Assim, é facilitada a tarefa de identificação das variáveis mais importantes em cada componente principal.

Tabela 12. Variância fenotípica (autovalores ou raízes características ou latentes) explicada em sucessivos componentes principais (CP's) e coeficientes dos autovetores para variáveis ligadas ao estabelecimento, à produção e ao valor nutritivo da forragem registradas numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de MENOR fertilidade inicial do solo. Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

	Componentes Principais (CP) - Fertilidade Inicial MENOR											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Autovalor (Variância)*	5,269	2,294	1,521	0,977	<u>0,628</u>	0,521	0,351	0,187	0,155	0,064	0,032	6,51E-17
Variância (% do total)	43,91	19,12	12,68	8,15	5,23	4,34	2,93	1,56	1,29	0,54	0,265	5,42E-16
Variância Acumulada (% do total)	43,91	63,03	75,71	<u>83,85</u>	89,08	93,42	96,35	97,90	99,20	99,73	100,00	100,00

Variáveis - Nome (ordem preferencial de exclusão)	Coeficientes dos autovetores (=equações lineares múltiplas para cada CP)											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
COB-EST92	-0,076	-0,300	-0,031	-0,439	-0,085	0,540	-0,673	-0,442	1,190	-0,019	-0,191	2,05E-08
MST-EST92 (4)	-0,116	-0,279	0,015	-0,316	-0,243	-0,119	-0,157	0,678	-1,782	0,341	0,644	-9,57E-07
MVS-SECA92	-0,163	0,132	-0,172	0,113	-0,008	0,348	0,151	0,974	0,522	1,632	1,844	-5,43E+07
MSS-SECA92	-0,086	0,183	0,475	-0,165	0,014	0,352	0,096	-0,847	-0,575	-0,341	-0,590	-6,10E+07
MST-SECA92 (1)	-0,151	0,196	0,211	-0,042	0,005	0,433	0,151	0,014	-0,072	0,728	0,689	9,32E+07
% MSS-SECA92 (5)	0,078	-0,047	0,536	-0,176	-0,015	-0,469	-0,067	1,160	0,873	0,373	0,136	4,41E-07
MST-SECA93 (6)	-0,127	0,225	-0,019	0,207	-0,003	-0,258	-1,313	0,358	-0,112	-1,138	-0,442	-9,78E-07
MST-REB45 (2)	-0,179	-0,068	-0,054	0,055	0,062	0,032	0,530	0,649	0,261	-0,704	-4,305	5,62E-07
MST-CHUVA92/93 (3)	-0,174	-0,101	0,034	0,061	-0,082	-0,305	0,513	-0,183	0,487	-2,446	2,743	2,93E-07
MST-CHUVA93/94 (7)	-0,161	-0,072	0,031	0,132	-0,200	-0,780	-0,034	-1,045	0,312	2,031	-0,480	6,86E-07
PB-REB45	0,039	-0,195	0,197	0,657	-0,721	0,420	-0,100	0,058	-0,017	-0,031	-0,144	-3,82E-07
DIVMS-REB45 (8)	-0,041	-0,260	0,158	0,398	0,978	0,127	-0,175	-0,059	-0,237	0,332	0,463	5,11E-07

* Autovalor (variância) em negrito e sublinhado indicam limites para o número de CP's ou para o descarte de variáveis. Valores de coeficientes emoldurados indicam as variáveis de maior importância nos CP's com maior expressão da variância fenotípica. Valores em negrito e itálico indicam as variáveis passíveis de exclusão pela baixa explicação da variabilidade fenotípica da coleção e/ou por serem redundantes. Os algarismos entre parênteses ao lado do código das variáveis indicam a ordem preferencial de exclusão, no caso de descarte de variáveis.

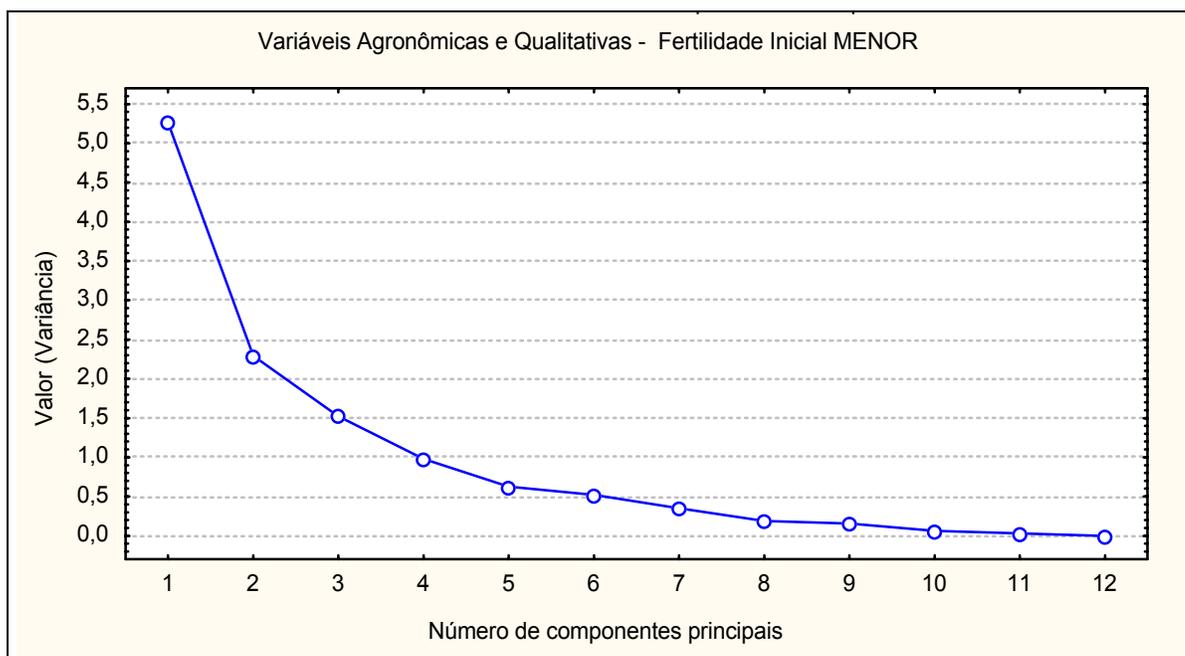


Figura 16. Variância fenotípica explicada por sucessivos componentes principais para variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de menor fertilidade inicial do solo. Valor crítico para expressão da variância fenotípica da coleção: >1,0. Valor crítico para descarte de variáveis: <0,7.

A partir das Tabelas 12 e 13, observa-se que na representação da variabilidade fenotípica da coleção pelos quatro primeiros CP's prevaleceram as contribuições das variáveis discriminadas a seguir, nas respectivas ordens:

- CP #1 - MST- REB45; MST -CHUVA92/93; MVS -SECA92; MST - CHUVA93/94; MST-SECA92; MST-SECA93;
- CP #2 - COB-EST92; MST-EST92; DIVMS-REB45
- CP #3 - MSS-SECA92; %MSS-SECA92
- CP #4 – PB-REB-45

Tabela 13. Coeficientes de correlação linear simples entre componentes principais (CP's - expressam a variância fenotípica) e variáveis ligadas ao estabelecimento, à produção e ao valor nutritivo da forragem (*Factor loading*) registrados numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de MENOR fertilidade inicial do solo. Os valores de R² apontam quanto da variância fenotípica para uma dada variável é explicada quando considerados diferentes números de componentes principais sucessivos. Valores dos coeficientes determinam o perfil e a importância relativa das variáveis em cada CP. Valores em negrito indicam as variáveis de maior importância (correlação) nos CP's com maior expressão da variância fenotípica. Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Variáveis	Componentes Principais - Fertilidade Inicial MENOR												CP # 1 ao # 12	CP # 1 ao # 3	CP # 1 ao # 4
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12			
	Coeficiente de correlação linear simples (r) entre a variável e o componente principal (<i>factor loading</i>)												R ² (acumulado)		
COB-EST92	-0,402	-0,688	-0,047	-0,429	-0,053	0,281	-0,236	-0,083	0,185	-0,001	-0,006	5,13E-25	1,00	0,64	0,82
MST-EST92	-0,609	-0,640	0,022	-0,309	-0,152	-0,062	-0,055	0,127	-0,277	0,022	0,021	-6,21E-23	1,00	0,78	0,88
MVS-SECA92	-0,859	0,303	-0,262	0,110	-0,005	0,181	0,053	0,182	0,081	0,105	0,059	-3,54E-09	1,00	0,90	0,91
MSS-SECA92	-0,454	0,420	0,723	-0,161	0,009	0,183	0,034	-0,158	-0,089	-0,022	-0,019	-3,97E-09	1,00	0,91	0,93
MST-SECA92	-0,798	0,451	0,320	-0,041	0,003	0,225	0,053	0,003	-0,011	0,047	0,022	6,07E-09	1,00	0,94	0,94
% MSS-SECA92	0,410	-0,107	0,815	-0,172	-0,009	-0,244	-0,024	0,217	0,136	0,024	0,004	3,02E-23	1,00	0,84	0,87
MST-SECA93	-0,671	0,517	-0,029	0,202	-0,002	-0,134	-0,461	0,067	-0,017	-0,073	-0,014	-6,24E-23	1,00	0,72	0,76
MST-REB45	-0,945	-0,155	-0,082	0,054	0,039	0,017	0,186	0,121	0,041	-0,045	-0,137	3,65E-23	1,00	0,92	0,93
MST-CHUVA92/93	-0,917	-0,231	0,052	0,060	-0,052	-0,159	0,180	-0,034	0,076	-0,157	0,087	1,94E-23	1,00	0,90	0,90
MST-CHUVA93/94	-0,846	-0,165	0,047	0,129	-0,126	-0,406	-0,012	-0,195	0,049	0,130	-0,015	4,59E-23	1,00	0,74	0,76
PB-REB45	0,208	-0,447	0,300	0,643	-0,452	0,219	-0,035	0,011	-0,003	-0,002	-0,005	-2,49E-23	1,00	0,33	0,75
DIVMS-REB45	-0,217	-0,598	0,240	0,389	0,614	0,066	-0,062	-0,011	-0,037	0,021	0,015	3,33E-23	1,00	0,46	0,61
Variância Explicada	5,269	2,294	1,521	0,977	0,628	0,521	0,351	0,187	0,155	0,064	0,032	6,51E-17			
Variância (% do total)	43,9%	19,1%	12,7%	8,1%	5,2%	4,3%	2,9%	1,6%	1,3%	0,5%	0,3%	0,000%			

Pela natureza das variáveis que se destacaram em cada CP, pode-se designar, de forma simplista, o CP #1 de “Produtividade nas estações”, o CP #2 de “fase de estabelecimento”, o CP #3 “Massa Senescida” e o CP #4 de “Proteína Bruta”.

As variáveis que se destacaram, pela maior contribuição relativa, apresentam em cada CP sempre o mesmo sinal e os maiores valores absolutos para os coeficientes dos autovetores e dos coeficientes de correlação.

Na Tabela 13 observa-se que os quatro primeiros CP’s contemplaram, em média, 83,9% da variância fenotípica. A contribuição relativa de cada variável variou de 61% a 93%. A variável com menor representação de sua variabilidade fenotípica foi a DIVMS-REB45 ($R^2 = 61\%$), ao passo que as variáveis com melhor representação foram a MST-SECA92, MSS-SECA92 e MST-REB45 (Tabela 13).

Da análise dos coeficientes dos autovetores (Tabela 12) também foi possível identificar as variáveis avaliadas e que são passíveis de descarte. A variável MST-SECA92 seria a primeira a ser descartada, uma vez que apresentava o maior coeficiente no componente principal de menor expressão (CP #12). Apesar de sua grande contribuição para o perfil do primeiro e mais expressivo componente principal, esta variável mostrou-se altamente correlacionada com a variável MSS-SECA92 (Tabela 14). De acordo com o procedimento para indicação de descarte descrito anteriormente (maior coeficiente de autovetor nos CP’s cujos autovalores são menores), também poderiam ser descartadas sequencialmente as variáveis MST-REB45, MST-CHUVA92/93, MST-EST92, %MSS-SECA92, MST-SECA93, MST-CHUVA93/94 e DIVMS-REB45.

4.1.4.B. Fertilidade Inicial Maior

O perfil dos componentes principais (CP’s) extraídos para a condição de fertilidade inicial maior é apresentado na Tabela 15.

Tabela 14. Coeficientes de correlação linear simples (Pearson) para as médias de variáveis ligadas ao estabelecimento, à produção e ao valor nutritivo da forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de MENOR fertilidade inicial do solo. Valores em negrito indicam as variáveis que pela análise dos coeficientes dos autovetores mostraram-se passíveis de descarte por serem redundantes (alto valor absoluto do coeficiente dos autovalores de baixa expressão e alto coeficiente de correlação linear simples) . Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Variáveis (N=88)	COB-EST92	MST-EST92	MVS-SECA92	MSS-SECA92	MST-SECA92	% MSS-SECA92	MST-SECA93	MST-REB45	MST-CHUVA92/93	MST-CHUVA93/94	PB-REB45	DIVMS-REB45
COB-EST92	1,00	0,76	0,14	-0,03	0,06	-0,11	-0,11	0,42	0,43	0,32	0,03	0,31
MST-EST92	0,76	1,00	0,28	0,06	0,20	-0,10	0,06	0,64	0,67	0,59	0,03	0,31
MVS-SECA92	0,14	0,28	1,00	0,31	0,78	-0,61	0,72	0,82	0,68	0,59	-0,28	-0,01
MSS-SECA92	-0,03	0,06	0,31	1,00	0,83	0,29	0,42	0,29	0,32	0,28	-0,14	-0,02
MST-SECA92	0,06	0,20	0,78	0,83	1,00	-0,16	0,69	0,66	0,61	0,52	-0,25	-0,02
% MSS-SECA92	-0,11	-0,10	-0,61	0,29	-0,16	1,00	-0,33	-0,43	-0,28	-0,24	0,22	0,08
MST-SECA93	-0,11	0,06	0,72	0,42	0,69	-0,33	1,00	0,49	0,45	0,54	-0,26	-0,08
MST-REB45	0,42	0,64	0,82	0,29	0,66	-0,43	0,49	1,00	0,92	0,79	-0,14	0,31
MST-CHUVA92/93	0,43	0,67	0,68	0,32	0,61	-0,28	0,45	0,92	1,00	0,88	-0,05	0,31
MST-CHUVA93/94	0,32	0,59	0,59	0,28	0,52	-0,24	0,54	0,79	0,88	1,00	-0,04	0,24
PB-REB45	0,03	0,03	-0,28	-0,14	-0,25	0,22	-0,26	-0,14	-0,05	-0,04	1,00	0,28
DIVMS-REB45	0,31	0,31	-0,01	-0,02	-0,02	0,08	-0,08	0,31	0,31	0,24	0,28	1,00

Tabela 15. Variância fenotípica (autovalores ou raízes características ou latentes) explicada em sucessivos componentes principais (CP's) e coeficientes dos autovetores para variáveis ligadas ao estabelecimento, à produção e ao valor nutritivo da forragem registradas numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas no âmbito dos Cerrados na condição de MAIOR fertilidade inicial do solo, sob regime de cortes. Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

	Componentes Principais (CP) - Fertilidade inicial MAIOR											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Autovalor (Variância)*	5,927	1,875	1,272	0,982	0,699	0,446	0,255	0,240	0,153	0,100	0,050	0,001
Variância (% do total)	49,39	15,62	10,60	8,18	5,83	3,72	2,13	2,00	1,28	0,83	0,42	0,005
Variância Acumulada (% do total)	49,39	65,02	75,62	83,80	89,62	93,34	95,47	97,47	98,74	99,57	99,99	100,00

Variáveis - Nome (ordem preferencial de exclusão)	Coeficientes dos autovetores (equações lineares múltiplas para cada CP)											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
COB-EST92	-0,097	-0,238	-0,143	0,526	-0,037	-0,766	0,568	-0,429	0,894	0,362	0,566	0,013
MST-EST92 (4)	-0,108	-0,284	-0,046	0,452	0,095	0,169	-0,518	0,566	-1,626	-0,134	-0,338	-0,018
MVS-SECA92	-0,150	0,142	-0,088	-0,149	0,244	-0,358	-0,375	0,790	0,436	0,243	-0,373	-27,377
MSS-SECA92	-0,027	0,023	0,743	0,075	0,191	-0,251	-0,394	-0,697	-0,280	0,560	0,494	-5,834
MST-SECA92 (1)	-0,151	0,143	0,067	-0,127	0,272	-0,384	-0,448	0,638	0,366	0,346	-0,069	28,399
% MSS-SECA92 (5)	0,118	-0,166	0,351	0,181	0,343	0,183	0,620	1,075	0,792	-0,930	-0,644	0,034
MST-SECA93 (6)	-0,132	0,238	0,042	-0,090	0,210	-0,202	1,288	-0,167	-1,070	-1,119	0,140	0,056
MST-REB45 (2)	-0,154	-0,101	0,099	-0,063	-0,279	0,167	-0,241	-0,563	0,548	-1,233	-3,047	0,822
MST-CHUVA92/93	-0,155	-0,101	0,047	-0,062	-0,092	0,541	-0,266	-0,040	0,616	-1,289	2,996	-0,943
MST-CHUVA93/94 (3) (7)	-0,148	-0,049	0,062	-0,016	0,037	0,829	0,731	0,042	0,259	1,990	-0,433	0,000
PB-REB45 (8)	0,015	-0,349	-0,179	-0,402	0,826	-0,019	-0,055	-0,616	-0,048	-0,048	-0,128	0,207
DIVMS-REB45	-0,022	-0,355	0,162	-0,532	-0,563	-0,454	0,350	0,514	-0,404	0,315	0,341	-0,046

* Autovalor (variância) em negrito e sublinhado indicam limites para o número de CP's ou para o descarte de variáveis. Valores de coeficientes emoldurados indicam as variáveis de maior importância nos CP's com maior expressão da variância fenotípica. Valores em negrito e itálico indicam as variáveis passíveis de exclusão pela baixa explicação da variabilidade fenotípica da coleção e/ou por serem redundantes. Os algarismos entre parênteses ao lado do código das variáveis indicam a ordem preferencial de exclusão, no caso de descarte de variáveis.

A variância fenotípica capaz de ser explicada também superou a 80% da total da coleção com a extração de quatro CP's. Com base no critério de que cada CP deve exprimir no mínimo a variância unitária, tem-se que quatro CP's seriam suficientes para representação sumarizada da coleção. Todavia, de seis a sete CP's seriam necessários, se considerado como critério a análise da tendência de estabilização dos incrementos da variância acumulada (Figura 17). No entanto, novamente, quatro CP's foram considerados capazes de representarem a variabilidade da coleção nesta condição de fertilidade.

A partir das Tabelas 15 (coeficientes dos autovetores) e 16 (coeficientes de correlação entre variável e CP), observa-se que na representação da variabilidade fenotípica da coleção, prevaleceram as contribuições das variáveis discriminadas a seguir, nas respectivas ordens:

- CP #1 - MST -CHUVA92/93; MST- REB45; MST-SECA92; MVS -SECA92;
MST -CHUVA93/94; MST-SECA93;
- CP #2 - DIVMS-REB45 e PB-REB45;
- CP #3 - MSS-SECA92 e %MSS-SECA92;
- CP #4 – COB-EST92 e MST-EST92.

Pela natureza das variáveis que se destacaram em cada CP, pode-se designar o CP #1 de “Produtividade nas estações”, o CP #2 de “alguns indicadores do valor nutritivo”, o CP #3 “Massa Seca Senescida” e o CP #4 de “Fase de Estabelecimento”. O agrupamento das variáveis foi praticamente o mesmo registrado para a condição de fertilidade inicial menor, descrito anteriormente. Porém, variou o componente principal em que as variáveis puderam expressar maior contribuição.

Para representar 83,8% da variabilidade fenotípica nos quatro primeiros CP's, as variáveis contribuíram de forma diferenciada, conforme indicado na Tabela 16 pelos valores de R^2 . A contribuição das variáveis variou de 64% a 93%. Assim, quando considerados quatro CP's, a variável com menor representação de

sua variabilidade fenotípica, ou seja, com maior perda de informação, foi a PB-REB45, enquanto que as variável com melhor representação foi a MSS-SECA92, apesar de sua maior contribuição ter ocorrido no terceiro componente principal (Tabela 16).

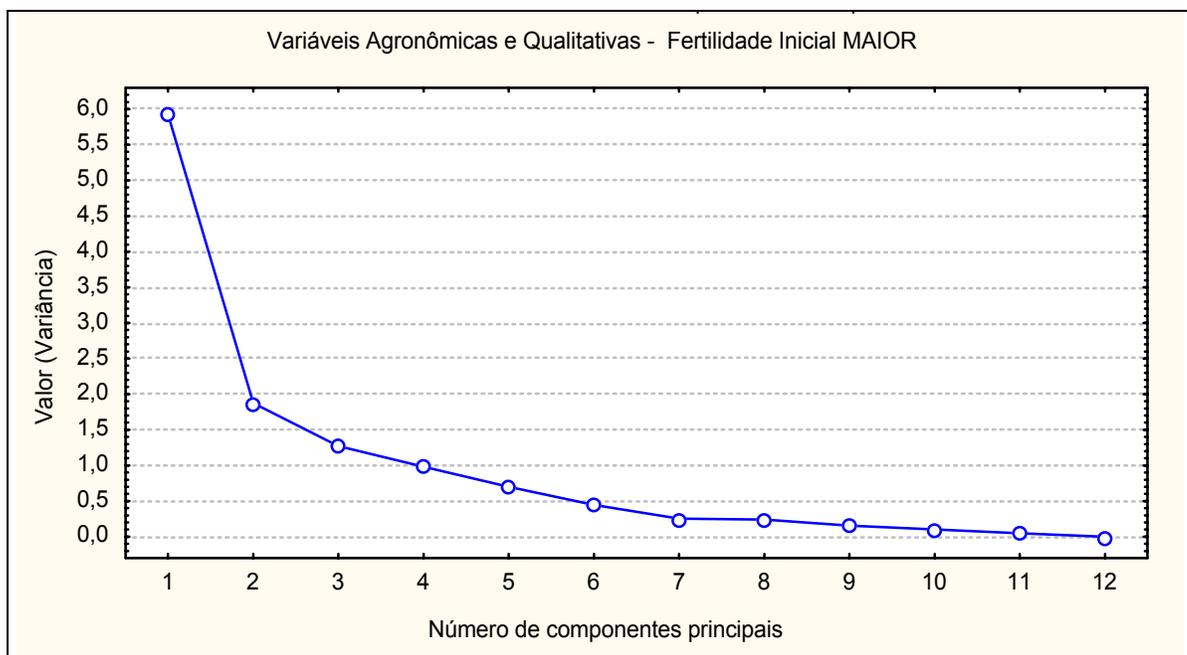


Figura 17. Variância fenotípica explicada por sucessivos componentes principais para variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de fertilidade inicial MAIOR. Valor crítico para expressão da variância fenotípica da coleção: >1,0. Valor crítico para descarte de variáveis: <0,7.

A análise dos coeficientes dos autovetores (Tabela 15) permitiu identificar as variáveis passíveis de descarte. Neste sentido, novamente a variável MST-SECA92 seria a primeira a ser descartada, uma vez que apresentava o maior coeficiente no componente principal de menor expressão e a mesma mostrou-se altamente correlacionada com a variável MVS-SECA92 (Tabela 17).

Tabela 16. Coeficientes de correlação linear simples entre componentes principais (CP's - expressam a variância fenotípica) e variáveis ligadas ao estebelecimento, à produção e ao valor nutritivo da forragem (*Factor loading*) registrados numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de MAIOR fertilidade inicial do solo. Os valores de R² apontam quanto da variância fenotípica para uma dada variável é explicada quando considerados diferentes números de componentes principais sucessivos. Valores dos coeficientes determinam o perfil e a importância relativa das variáveis em cada CP. Valores em negrito indicam as variáveis de maior importância (correlação) nos CP's com maior expressão da variância fenotípica. Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Variáveis	Componentes Principais (CP) - Fertilidade inicial MAIOR												CP # 1 ao # 12	CP # 1 ao # 3	CP # 1 ao # 4
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12			
	Coeficiente de correlação linear simples (r) entre a variável e o componente principal (<i>factor loading</i>)												R ² (acumulado)		
COB-EST92	-0,576	-0,446	-0,182	0,516	-0,026	-0,341	0,145	-0,103	0,1369	0,0362	0,0285	0,00001	1,00	0,56	0,83
MST-EST92	-0,638	-0,533	-0,058	0,444	0,066	0,075	-0,132	0,136	-0,2489	-0,0134	-0,0170	-0,00001	1,00	0,69	0,89
MVS-SECA92	-0,889	0,266	-0,112	-0,147	0,171	-0,160	-0,096	0,189	0,0667	0,0243	-0,0188	-0,01720	1,00	0,87	0,89
MSS-SECA92	-0,160	0,044	0,945	0,074	0,133	-0,112	-0,101	-0,167	-0,0429	0,0560	0,0249	-0,00367	1,00	0,92	0,93
MST-SECA92	-0,894	0,267	0,086	-0,124	0,190	-0,171	-0,114	0,153	0,0561	0,0346	-0,0035	0,01784	1,00	0,88	0,89
% MSS-SECA92	0,701	-0,312	0,447	0,178	0,240	0,082	0,158	0,258	0,1213	-0,0930	-0,0325	0,00002	1,00	0,79	0,82
MST-SECA93	-0,782	0,447	0,053	-0,088	0,147	-0,090	0,328	-0,040	-0,1639	-0,1119	0,0071	0,00004	1,00	0,81	0,82
MST-REB45	-0,913	-0,189	0,126	-0,061	-0,195	0,075	-0,062	-0,135	0,0839	-0,1233	-0,1536	0,00052	1,00	0,88	0,89
MST-CHUVA92/93	-0,917	-0,189	0,060	-0,061	-0,064	0,241	-0,068	-0,010	0,0943	-0,1289	0,1510	-0,00059	1,00	0,88	0,88
MST-CHUVA93/94	-0,878	-0,091	0,079	-0,016	0,026	0,370	0,187	0,010	0,0397	0,1990	-0,0218	0,00000	1,00	0,79	0,79
PB-REB45	0,091	-0,654	-0,227	-0,395	0,578	-0,008	-0,014	-0,148	-0,0074	-0,0048	-0,0065	0,00013	1,00	0,49	0,64
DIVMS-REB45	-0,130	-0,666	0,207	-0,522	-0,394	-0,202	0,089	0,123	-0,0619	0,0315	0,0172	-0,00003	1,00	0,50	0,78
Variância Explicada	5,927	1,875	1,272	0,982	0,699	0,446	0,255	0,240	0,1531	0,1000	0,0504	0,0006			
Variância (% do total)	49,4%	15,6%	10,6%	8,2%	5,8%	3,7%	2,1%	2,0%	1,3%	0,8%	0,4%	0,01%			

Tabela 17. Coeficientes de correlação linear simples (Pearson) para as médias de variáveis ligadas ao estabelecimento, à produção e ao valor nutritivo da forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de MAIOR fertilidade inicial do solo. Valores em negrito indicam as variáveis que pela análise dos coeficientes dos autovetores mostraram-se passíveis de descarte por serem redundantes (alto valor absoluto do coeficiente dos autovalores de baixa expressão e alto coeficiente de correlação linear simples) . Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Variáveis (N=88)	COB-EST92	MST-EST92	MVS-SECA92	MSS-SECA92	MST-SECA92	% MSS-SECA92	MST-SECA93	MST-REB45	MST-CHUVA92/93	MST-CHUVA93/94	PB-REB45	DIVMS-REB45
COB-EST92	1,00	0,75	0,36	-0,03	0,35	-0,28	0,25	0,54	0,49	0,43	0,08	0,14
MST-EST92	0,75	1,00	0,39	0,06	0,39	-0,22	0,22	0,61	0,65	0,59	0,15	0,17
MVS-SECA92	0,36	0,39	1,00	0,05	0,98	-0,71	0,81	0,70	0,72	0,69	-0,10	-0,03
MSS-SECA92	-0,03	0,06	0,05	1,00	0,26	0,26	0,19	0,23	0,16	0,16	-0,18	0,09
MST-SECA92	0,35	0,39	0,98	0,26	1,00	-0,64	0,82	0,72	0,74	0,70	-0,14	-0,01
% MSS-SECA92	-0,28	-0,22	-0,71	0,26	-0,64	1,00	-0,62	-0,59	-0,56	-0,50	0,19	0,04
MST-SECA93	0,25	0,22	0,81	0,19	0,82	-0,62	1,00	0,59	0,59	0,65	-0,25	-0,15
MST-REB45	0,54	0,61	0,70	0,23	0,72	-0,59	0,59	1,00	0,92	0,82	-0,06	0,33
MST-CHUVA92/93	0,49	0,65	0,72	0,16	0,74	-0,56	0,59	0,92	1,00	0,88	0,01	0,25
MST-CHUVA93/94	0,43	0,59	0,69	0,16	0,70	-0,50	0,65	0,82	0,88	1,00	-0,03	0,14
PB-REB45	0,08	0,15	-0,10	-0,18	-0,14	0,19	-0,25	-0,06	0,01	-0,03	1,00	0,34
DIVMS-REB45	0,14	0,17	-0,03	0,09	-0,01	0,04	-0,15	0,33	0,25	0,14	0,34	1,00

Considerando os autovalores (variâncias) menores que 0,7 como aqueles de baixa expressão para a variabilidade da coleção, também poderiam ser descartadas sequencialmente as variáveis MST-REB45, MST-CHUVA93/94, MST-EST92, %MSS-SECA92, MST-SECA93 e PB-REB45. As variáveis passíveis de descarte na condição de fertilidade inicial maior foram praticamente as mesmas em relação à condição de fertilidade inicial menor. As divergências foram para a variável MST-CHUVA92/93 e DIVMS-REB45 que não mais seriam passíveis de descarte e para a PB-REB45 que passou a ser passível de descarte na condição de fertilidade maior (Tabelas 12 e 15).

Com apenas quatro componentes principais foi possível exprimir 83,9% e 83,8% da variância fenotípica da coleção na condição de fertilidade inicial menor e maior, respectivamente. Todavia, nem sempre o conjunto de dados leva a essa possibilidade de síntese da informação, a partir de um pequeno número de componentes principais, como observaram Ghisi et al. (1994). Assim, evidenciou-se que na coleção, para o elenco de variáveis consideradas, é possível reduzir o conjunto de variáveis para a expressão da variabilidade, sem grandes perdas de informação, o que é útil principalmente quando se dispõe de um grande número de variáveis (Hair Jr. et al., 1995). O limite de 80% da variância total é considerado satisfatório para muitos propósitos (Veasey et al., 1999a,b; Veasey et al., 2001), sendo ideal que esta variância seja expressa em dois ou três componentes principais quando se deseja a representação gráfica da análise para fins de interpretação.

Como os valores registrados para a variância acumulada foram muito próximos e para um mesmo número de componentes principais (CP's), outros paralelos entre os resultados da análise puderam ser traçados para as duas condições de fertilidade inicial do solo.

Esses quatro componentes principais passaram a equivaler a quatro novas variáveis independentes que poderiam ser utilizadas também na análise de

agrupamentos dos genótipos, porém com a perda de menos de 20% da variabilidade total da informação original (Everitt, 1995).

Uma das informações obtidas na análise de componentes principais diz respeito à estrutura da relação entre as variáveis, reclassificando-as nos componentes principais conforme a sua relevância na busca de maximizar a expressão da variabilidade fenotípica. Assim, o primeiro componente principal (CP), que carrega a maior porção da variância, e as variáveis com maior participação no mesmo são consideradas as mais importantes da coleção para expressão da variabilidade. Verificou-se, então, que em ambas as condições de fertilidade inicial, as variáveis ligadas à produção de forragem (MST Secas, MST águas e MST rebrota de 45 dias) foram aquelas que mais contribuíram inicialmente para a expressão da variabilidade da coleção. A partir do segundo CP, as variáveis ligadas ao estabelecimento (cobertura do solo e produção de MST) e ao valor nutritivo (DIVMS) foram as mais relevantes na condição de fertilidade inicial menor, divergindo do registrado na condição de fertilidade inicial maior, em que as variáveis ligadas ao valor nutritivo (PB e DIVMS) se destacaram sequencialmente pela maior contribuição. Houve nova convergência de comportamento no terceiro CP, no qual as informações relativas à forragem senescida (MSS-SECA92 e % MSS-SECA92) se destacaram. Finalmente, no quarto CP se destacaram as variáveis ligadas ao estabelecimento na condição de fertilidade inicial maior e o teor de PB foi o destaque para a condição de fertilidade inicial menor. Portanto, o mesmo conjunto de variáveis destacou-se no primeiro componente principal (o mais importante) e no terceiro componente principal, e nos demais praticamente houve apenas uma inversão da ordem do componente principal. Cada componente principal, na condição de uma nova variável, passou a ter um perfil, de acordo com a participação relativa das variáveis. Quando comparados os perfis dos componentes principais em cada condição de fertilidade, novamente detectou-se resposta semelhante entre as duas situações (fertilidade inicial maior e menor).

A capacidade de síntese da análise de componentes principais pode ser ampliada na coleção avaliada a partir do descarte de variáveis (redundantes ou inexpressivas) de tal modo que em avaliações futuras pode-se abrir mão da tomada das mesmas sem perda para a expressão da variabilidade fenotípica a ser explorada. Para tanto, deve existir alto grau de correlação entre as variáveis tidas como redundantes, conforme foi constatado nas duas condições de fertilidade em que a coleção de genótipos foi avaliada.

Até oito variáveis seriam passíveis de descarte nesta coleção em ambas as condições de fertilidade inicial, de acordo com um dos critérios apresentados por Jolliffe (1972; 1973), que considera o limite de 0,7 para os autovalores que são enquadrados como de baixa expressão. Permaneceriam apenas quatro variáveis, um número excessivamente pequeno mas dentro do número mínimo sugerido por Jolliffe (1973). No entanto, seis variáveis seriam um número mais lógico, de acordo com a redundância entre elas, uma vez que originalmente são 12 variáveis e para cada variável descartada deverá permanecer uma outra cujo comportamento (por associação) seja equivalente. Assim, ao serem descartadas seis variáveis deveriam permanecer outras seis variáveis. Com esse descarte seletivo, poderia-se abrir mão de 50 % das variáveis tanto para a análise da informação remanescente, como para futuras avaliações.

Dependendo do conjunto de variáveis e do grau de redundância os percentuais de variáveis passíveis de descarte são elevados. Em coleções de forrageiras, há registros de descartes variando de 36 a 68 % das variáveis consideradas originalmente (Santos et al., 1995; Daher et al., 1997; Strapasson et al., 2000; Regitano Neto & Batista, 2001), sendo o uso mais frequentes em variáveis aplicadas para fins de caracterização morfológica.

Da análise das variáveis passíveis de descarte, mais uma vez ocorreu comportamento quase que semelhante da coleção nas duas condições de fertilidade inicial. Das oito variáveis passíveis de descarte, seis delas foram comuns e seus descartes ocorreriam numa mesma ordem preferencial. Evidencia-se que estas variáveis, em ambas as condições de fertilidade, guardam a mesma

associação com um conjunto de outras. Depreende-se ainda que poder-se-ia adotar um mesmo elenco reduzido de variáveis para expressar e avaliar as diferenças de comportamento dos genótipos da coleção em ambas as condições de fertilidade.

Com base na lógica de excluir apenas seis variáveis, seriam preservadas as variáveis COB-EST92, MVS-SECA92, MSS-SECA92, MST-CHUVA93/94, PB-REB45 e DIVMS-REB45 na condição de fertilidade inicial menor, enquanto que na condição de fertilidade inicial maior, seriam em grande parte as mesmas, mas em vez da variável MST-CHUVA93/94 seria a variável MST-CHUVA92/93.

Buscando um mesmo conjunto para as duas condições de fertilidade, não seriam descartadas as variáveis MST-CHUVA93/94 e MST-CHUVA92/93, mas tão somente aquelas com indicação comum de descarte para as duas condições de fertilidade inicial. Com isso, cinco variáveis em comum às duas condições de fertilidade seriam descartadas, permanecendo sete (também comuns). O fato das variáveis serem as mesmas não guarda relação com uma eventual ausência do efeito da condição de fertilidade ou da interação genótipo x fertilidade na coleção, pois estes efeitos podem existir para um mesmo conjunto de variáveis, desde que as mesmas apresentem, por exemplo, comportamento diferenciado no tocante a magnitude da resposta de acordo com o genótipo ou condição de fertilidade.

4.1.5. Análise de agrupamentos

A análise foi efetuada por condição de fertilidade inicial do solo, pela indicação desta necessidade pela análise de variância multivariada e univariada, considerando-se o mesmo elenco de variáveis utilizadas na análise de componentes principais.

Nas duas condições de fertilidade inicial do solo foram efetuadas simulações da análise de agrupamentos levando-se em conta um menor número

de variáveis, segundo as sugestões de descarte de variáveis apontadas pela análise de componentes principais. Observou-se que houve as mesmas necessidades que serão apontadas nos tópicos seguintes acerca da definição do número de agrupamentos e que os genótipos com melhor e pior desempenho, bem como aqueles com grande divergência de comportamento, constituíram agrupamentos que reuniram os genótipos de forma semelhante a observada quando se considerou o número original das variáveis na análise de agrupamentos. Apenas na condição de maior fertilidade inicial houve a fusão dos grupos com genótipos superiores, com a ampliação do número de genótipos nos agrupamentos com genótipos de melhor desempenho. Daí porque fez-se a opção pela análise do conjunto original das variáveis.

4.1.5.A. Fertilidade Inicial Menor

Os grupos de genótipos formados nos sucessivos estágios da análise de agrupamentos são apresentados na Figura 18, num diagrama do tipo árvore (dendrograma). Os agrupamentos começaram a ocorrer em distâncias de ligação relativamente altas, indicando que a similaridade entre os genótipos para o conjunto das variáveis não era alta. Todavia, com alguma flexibilização os agrupamentos ocorreram em grande escala com pequenas variações na distância de ligação (Figura 18 e Figura 19).

Pela Figura 19, a indicação para o ponto de parada das junções para definição dos grupos de genótipos em agrupamentos homogêneos seria por volta do passo ou junção 83 ou 85, levando à definição de 5 ou 3 grupos de genótipos (Hair Jr. et al., 1995). Todavia, como o número de grupos formados foi pequeno e não permitiu uma maior discriminação entre os genótipos de *Paspalum*, fez-se a opção por um “ponto de parada” das junções antecipado em um ou dois passos do ponto matematicamente plausível, porém funcionalmente não interessante para caracterizar de forma mais clara o espectro da coleção de *Paspalum*. Isso

porque o ponto sugerido pela análise do gráfico coincidia apenas com a fusão dos poucos grupos de genótipos de *Paspalum* com os grupos das testemunhas e não se teria a definição de vários agrupamentos específicos para os genótipos de *Paspalum* spp.. Com 3 ou 5 grupos de genótipos ter-se-ia apenas 1 ou 2 grupos reunindo todos os genótipos de *Paspalum* spp.. Diante da necessidade de melhor discriminação dentro de *Paspalum* spp., optou-se por antecipar o ponto de parada das junções formando 10 agrupamentos ou grupos de genótipos, sendo que 7 foram com genótipos de *Paspalum* spp. (Figura 18). Procurou-se, então, não ampliar excessivamente o número de agrupamentos para que a essência do propósito da análise não fosse perdida, ou seja, tendo o compromisso de assegurar a similaridade (homogeneidade) entre os indivíduos de um mesmo grupo e a obtenção de um número de grupos que possibilitasse a manipulação e a discriminação do conjunto da informação da coleção. Esta opção não é incomum nesse tipo de análise, uma vez que sempre há alguma subjetividade nessa decisão, buscando aliar a capacidade de síntese e de discriminação da análise, que vale ressaltar tem caráter descritivo e não estatístico.

A composição dos grupos pode ser verificada na Figura 18 e na Tabela 18. Três das testemunhas não se agruparam com *Paspalum* spp., o que ocorreria mesmo se houvesse a opção por um menor número de grupos no ponto de parada da análise. Esse fato indica grande divergência do *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (Grupo 1), da *B.brizantha* BRA-004391 (Grupo 2) e da *B.brizantha* BRA-003441 (Grupo 3) em relação aos demais genótipos, quando consideradas as variáveis usadas na análise. Os demais genótipos foram distribuídos em 7 grupos de diferentes tamanhos, alguns multiespecíficos e/ou multigenéricos (Tabela 18). Dois grandes grupos (6 e 10) reuniram mais de 70% da coleção. O grupo (9), no qual o *Paspalum atratum* cv. Pojuca se enquadrou, apresentou apenas 5 genótipos.

A distribuição por grupo botânico e origem dos genótipos dos 10 grupos definidos pela análise é apresentada na Tabela 19. O grupo 6, com maior número de genótipos, reuniu genótipos de três grupos botânicos e de várias origens

(regiões). Todavia, prevaleceram genótipos do grupo *Plicatula* coletados na Região

Dendrograma 88 genótipos - Estabelecimento, produção e valor nutritivo

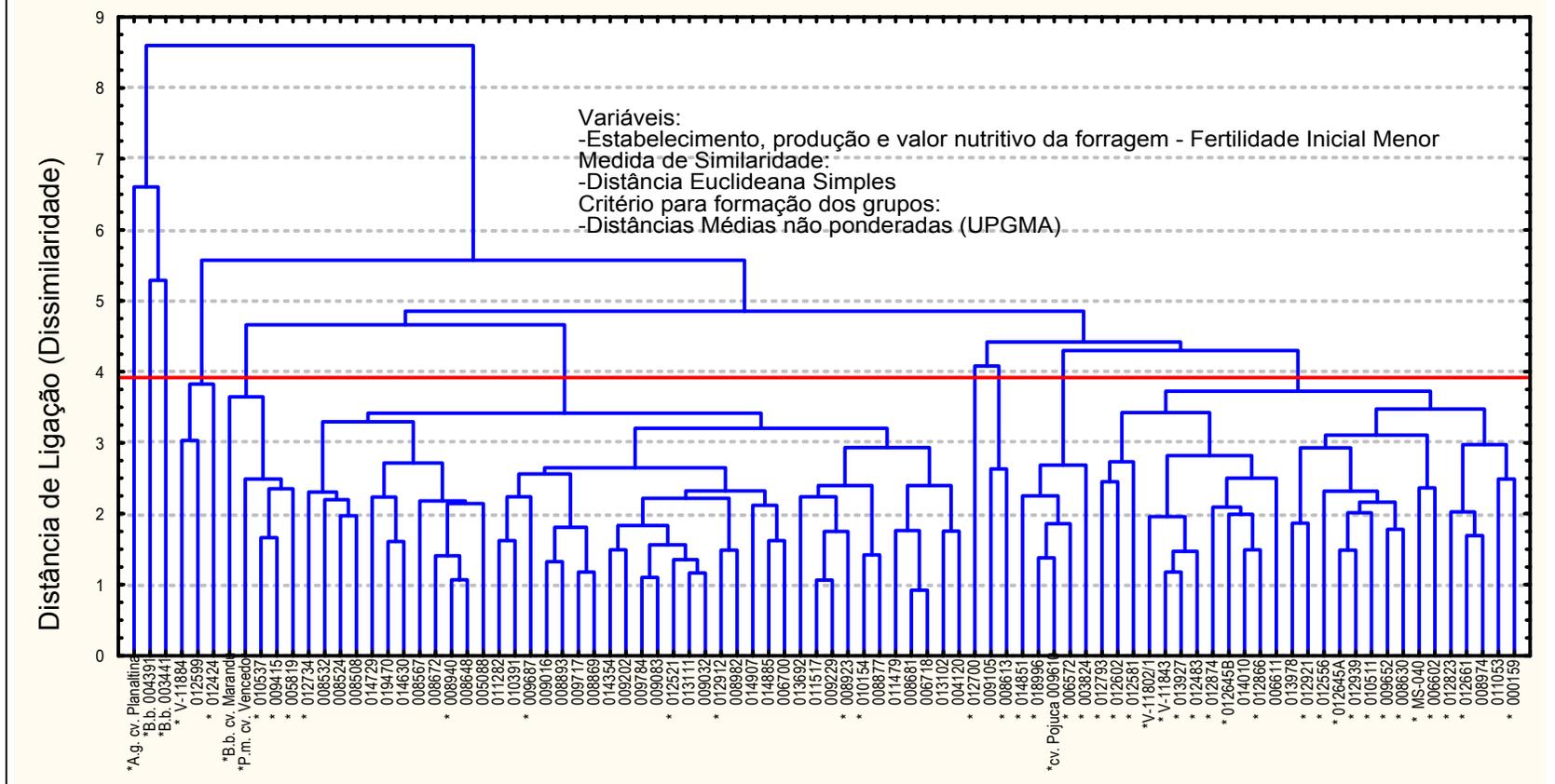


Figura 18. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade e grupos de acessos obtidos nas sucessivas junções na análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de menor fertilidade inicial do solo. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclideana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). A linha horizontal contínua define o ponto de parada na formação dos agrupamentos. Definição do número de grupos (10) estendida para maior discriminação entre os acessos de *Paspalum* spp..

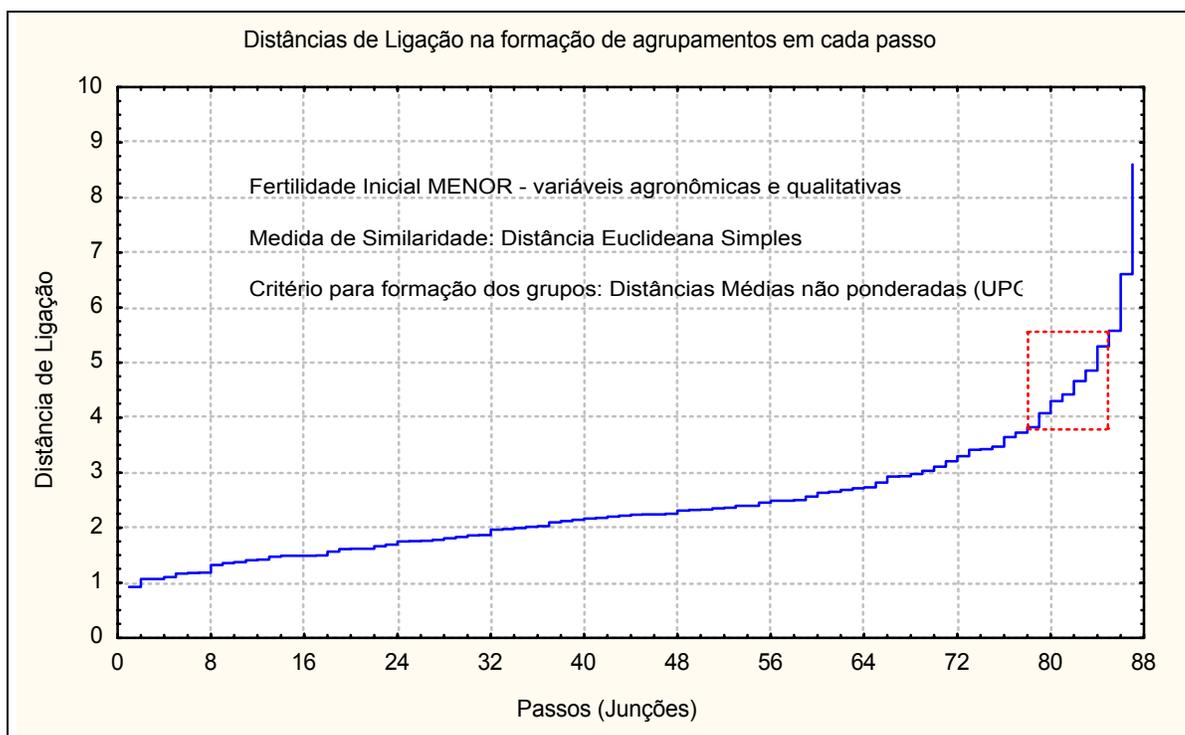


Figura 19. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade nos sucessivos passos da análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de MENOR fertilidade inicial do solo. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclidiana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). Definição do número de grupos (10) baseada na necessidade de estender um pouco mais a discriminação entre grupos para os acessos de *Paspalum* spp..

Sul do Brasil. Vinte e um dos 29 genótipos de *Paspalum* spp. do grupo Plicatula originários do Rio Grande do Sul foram reunidos nesse grupo (6). Esses genótipos responderam pela metade do número de genótipos do agrupamento (Tabela 19).

O segundo maior agrupamento (Grupo 10) também abrangeu grupos botânicos e genótipos de várias origens, com predomínio de genótipos do grupo Plicatula coletados no Estado do Mato Grosso do Sul. Todavia, no conjunto predominaram os genótipos da Região Sul do Brasil (Tabela 19).

Tabela 18 . Distribuição dos acessos de gramíneas em grupos constituídos pela análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem em acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5) avaliados sob regime de corte na condição de MENOR fertilidade inicial do solo no ambiente dos Cerrados. Método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 1-A para informações sobre os acessos.

Grupos	Genótipos N° BRA ou nome comercial, exceto sublinhados					
1	<i>Andropogon gayanus</i> cv. Planaltina					
2	<i>Brachiaria brizantha</i> 004391					
3	<i>B.brizantha</i> 003441					
4	012424	012599	<u>V-11884</u>			
5	005819	009415	010537	<i>B.brizantha</i> cv. Marandu	<i>Panicum</i> <i>maximum</i> cv. Vencedor	
	004120	005088	006700	006718	008508	008524
	008532	008567	008648	008672	008681	008869
	008877	008893	008923	008940	008982	009016
6	009032	009083	009202	009229	009687	009717
	009784	010154	010391	011282	011479	011517
	012521	012734	012912	013102	013111	013692
	014354	014630	014729	014885	014907	019470
7	012700					
8	008613	009105				
9	003824	006572	009610 cv. Pojuca	014851	018996	
	000159	006602	006611	008630	008974	009652
	010511	011053	012483	012556	012581	012602
10	012661	012793	012823	012866	012874	012921
	012939	013927	013978	014010	012645A	012645B
	<u>MS-040</u>	<u>V-11802/1</u>	<u>V-11843</u>			

Tabela 19. Distribuição por gênero, grupo botânico e local de origem dos grupos de acessos de *Paspalum* e de outras gramíneas constituídos pela análise de agrupamentos com base em variáveis ligadas à produção e ao valor nutritivo da forragem, avaliadas no âmbito dos Cerrados na condição de menor fertilidade inicial do solo menor.

GÊNERO	Grupo Botânico	Unidade da Federação ou Província	GRUPOS - Fertilidade Inicial MENOR															
			Dados	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Não se estabeleceu	Total			
<i>Paspalum</i>	Notata	Não se aplica	Número de acessos % do Total											2 (2,1%)	2 (2,1%)			
		Corrientes	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	1 (1,1%)			
	Plicatula	GO	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)		1 (1,1%)												2 (2,1%)
		MG	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	1 (1,1%)	2 (2,1%)		
		MS	Número de acessos % do Total	3 (3,2%)		1 (1,1%)		3 (3,2%)		7 (7,4%)					14 (14,9%)			
		MT	Número de acessos % do Total											2 (2,1%)	2 (2,1%)			
		PR	Número de acessos % do Total											6 (6,4%)	3 (3,2%)	9 (9,6%)		
		RS	Número de acessos % do Total	21 (22,3%)		1 (1,1%)		1 (1,1%)		3 (3,2%)		3 (3,2%)		29 (30,9%)				
		SC	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)		6 (6,4%)		1 (1,1%)		2 (2,1%)					10 (10,6%)			
		SP	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	1 (1,1%)	2 (2,1%)		
		Não disponível	Número de acessos % do Total											2 (2,1%)	1 (1,1%)	3 (3,2%)		
		Virgata	MS	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	4 (4,3%)	5 (5,3%)	
			SC	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)			1 (1,1%)
	Não disponível		Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	1 (1,1%)	2 (2,1%)		
	Não determinado	MS	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)			1 (1,1%)	
		Não disponível	Número de acessos % do Total											2 (2,1%)			2 (2,1%)	
	Não disponível	MS	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	2 (2,1%)	3 (3,2%)		
	<i>Andropogon</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)										1 (1,1%)			
	<i>Brachiaria</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)		1 (1,1%)		1 (1,1%)							3 (3,2%)		
	<i>Panicum</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	1 (1,1%)		
Total Número de acessos (% do Total)				1 (1,1%)	1 (1,1%)	1 (1,1%)	3 (3,2%)	5 (5,3%)	42 (44,7%)	1 (1,1%)	2 (2,1%)	5 (5,3%)	27 (28,7%)	6 (6,4%)	94 (100,0%)			

O perfil da resposta, por variável medida, dos 10 grupos é apresentado na Tabela 20. Os maiores grupos apresentaram maior dispersão dos valores registrados. Alguns grupos tiveram, provavelmente, sua definição pelo comportamento marcante para algumas das variáveis, como por exemplo o grupo 4, em que a produção de forragem foi nula na fase de estabelecimento (MST-EST92) e foi baixo o valor nutritivo da forragem (Tabela 20).

Para melhor evidência e comparação do desempenho de cada grupo em relação aos demais, na Figura 20 é apresentado o perfil médio padronizado dos grupos. Nos gráficos de cada grupo, o valor zero representa o valor de referência, a média padronizada de todos os genótipos, com os desvios deste valor indicando as variáveis em que o grupo se destaca de forma positiva ou negativa.

Os grupos 1, 2 e 3 foram constituídos por testemunhas de outros gêneros, com os genótipos do grupo 2 e 3 apresentando excepcional performance para o conjunto das variáveis, sendo excelências como referenciais os genótipos BRA-003441 e BRA-004391 de *Brachiaria brizantha*, que mostraram-se bastante promissores e encontram-se sob avaliação numa rede de ensaios regionais no País. Os desempenhos destes genótipos de *Brachiaria* foram marcadamente superiores mesmo quando comparados com o de cultivares em uso. O *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (Grupo 1) primou pela superioridade nas águas e na fase de estabelecimento, com desempenho próximo da média registrada na coleção para o valor nutritivo da forragem e para o desempenho na estação seca, sendo a principal referência na adaptação a ambientes de baixa fertilidade no âmbito dos Cerrados (Figura 20, Tabela 20). O isolamento desses genótipos em seus grupos indicou grande divergência de comportamento em relação aos demais genótipos.

O grupo 4 caracterizou-se pela fraco desempenho na fase de estabelecimento, considerada crítica. Nas estações secas (1992) a produção de forragem é alta, porém com participação do material senescido acima da média. Na estação chuvosa, o desempenho do grupo foi modesto e situou-se próximo da

Tabela 20. Perfil dos grupos formados pela análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem em acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outras gramíneas (N=5) avaliados sob regime de corte na condição de MENOR fertilidade inicial do solo no ambiente dos Cerrados. Método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclidiana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Grupos (nºgenótipos)	Parâmetro	% COB-EST92	MST-EST92 (kg/ha)	MVS-SECA92 (kg/ha)	MSS-SECA92 (kg/ha)	MST-SECA92 (kg/ha)	% MSS-SECA92	MST-SECA93 (kg/ha)	MST-Rebrota 45 dias CHUVA 92/93 (kg/ha)	MST-CHUVA92/93 (kg/ha)	MST-CHUVA93/94 (kg/ha)	% de PB na MST Rebrota 45 dias	DIVMS na MST Rebrota 45 dias
1 (1)	Média	63	4.013	703	1.407	2.110	67	727	2.556	18.118	30.317	9,2	47,0
2 (1)	Média	53	4.200	2.205	634	2.839	25	1.418	4.846	15.505	15.974	11,2	63,2
3 (1)	Média	40	3.581	2.398	927	3.325	27	1.013	6.155	34.021	32.294	9,5	59,5
4 (3)	Média	16	0	567	2.659	3.226	78	1.051	867	4.529	4.391	9,9	40,6
	Máximo	28	0	718	2.893	3.428	85	1.544	1.239	8.410	8.591	12,7	44,9
	Mínimo	5	0	449	2.532	3.001	69	714	573	573	0	7,8	35,2
5 (5)	Média	42	2.412	200	953	1.153	82	446	1.408	10.771	10.746	12,6	56,3
	Máximo	49	3.006	393	1.237	1.448	93	972	1.570	12.859	20.581	13,6	65,9
	Mínimo	38	2.027	84	664	798	63	0	1.253	9.240	3.639	10,7	50,8
6 (42)	Média	33	828	275	592	867	65	317	640	3.542	2.831	9,7	45,9
	Máximo	53	2.873	1.047	1.492	1.968	99	836	1.519	8.390	8.363	12,4	54,2
	Mínimo	15	0	8	35	83	27	0	0	608	0	7,5	31,4
7 (1)	Média	48	2.130	1.856	814	2.669	24	1.564	2.948	13.162	9.766	7,2	48,8
8 (2)	Média	63	2.855	1.009	874	1.883	46	656	1.687	9.628	6.845	9,3	43,0
	Máximo	63	3.519	1.143	1.163	2.037	57	679	1.971	11.476	9.924	9,6	45,3
	Mínimo	63	2.191	874	586	1.729	34	632	1.404	7.780	3.766	9,0	40,8
9 (5)	Média	44	2.216	895	1.923	2.818	68	723	2.356	12.651	9.868	8,2	58,3
	Máximo	50	2.858	1.369	2.746	3.527	76	1.071	2.748	14.010	14.266	9,1	61,4
	Mínimo	40	1.471	681	1.507	2.188	55	461	2.103	11.433	6.571	7,3	56,3
10 (27)	Média	31	1.189	953	1.231	2.185	57	1.194	1.518	8.553	9.430	8,9	42,8
	Máximo	48	3.137	2.035	1.810	3.082	85	2.417	2.404	12.535	14.220	11,1	51,0
	Mínimo	18	0	351	371	1.080	36	359	690	2.963	4.734	6,9	32,4

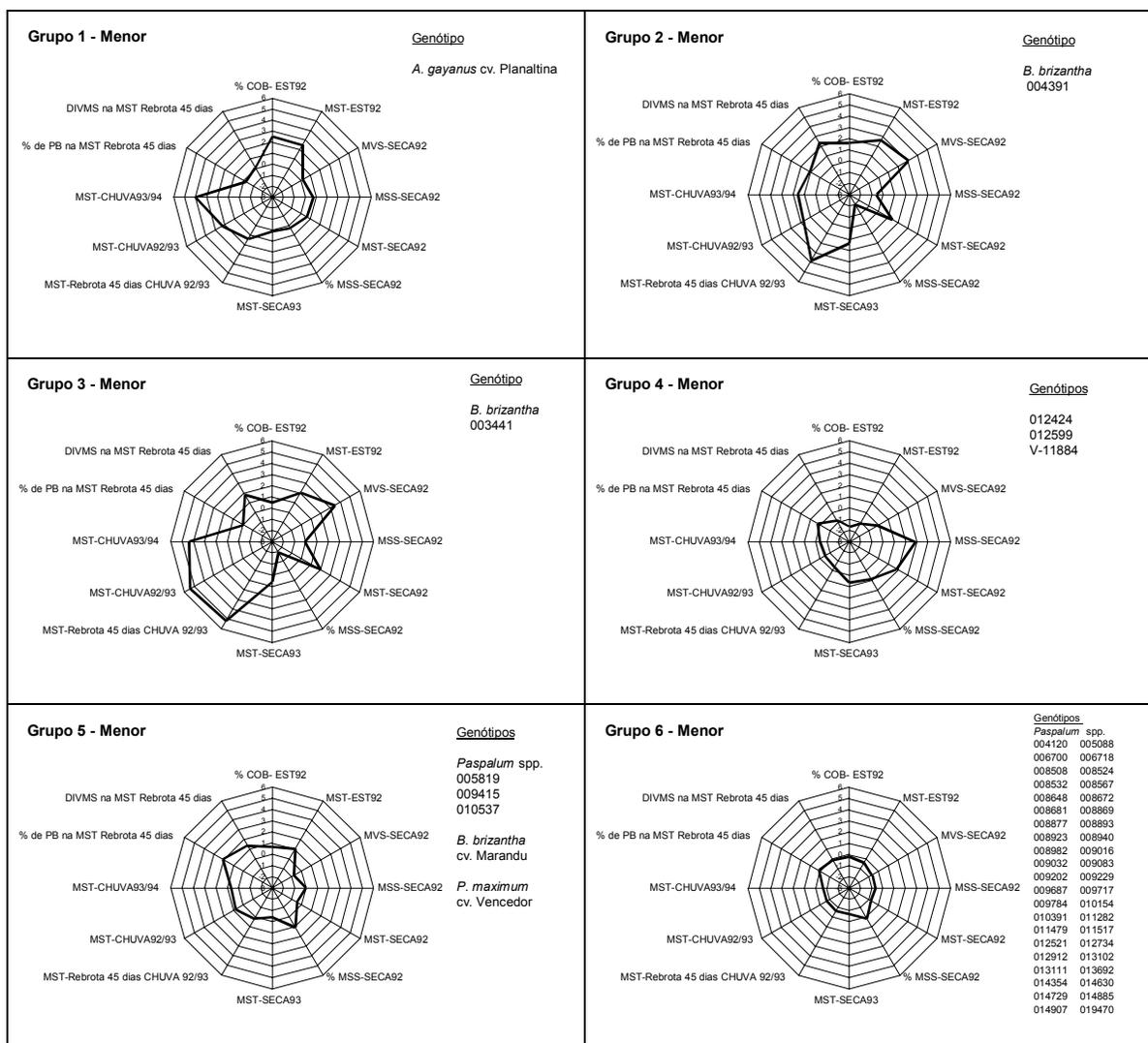
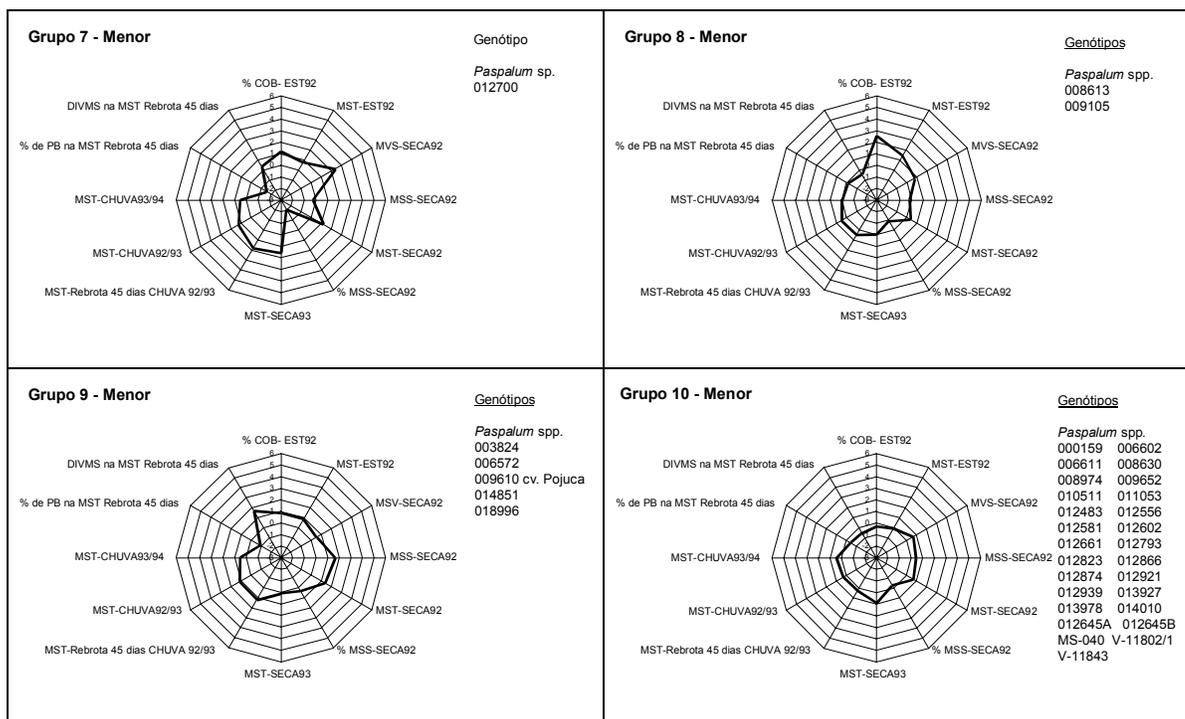


Figura 20. Perfil médio de resposta e composição dos (10) grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos de variáveis ligadas à fase de estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem de uma coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros avaliados sob regime de cortes na condição de menor fertilidade inicial do solo, no âmbito dos Cerrados. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclidiana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.



Continuação Figura 20. Perfil médio de resposta e composição dos (10) grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos de variáveis ligadas à fase de estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem de uma coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de gramíneas e outros gêneros avaliados sob regime de cortes na condição de menor fertilidade inicial do solo, no âmbito dos Cerrados. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

média da coleção. Além disso, a forragem produzida nas águas apresentou baixa digestibilidade (DIVMS-REB45) (Figura 20, Tabela 20). Então, não sendo recomendável o seu prosseguimento para estágios de avaliação mais avançados

O multigenérico grupo 5 reuniu poucos genótipos e apresentou desempenho superior à média na estação chuvosa e na fase de estabelecimento,

com destaque para a sua forragem, de alto valor nutritivo, o qual pareceu ser crítico nesta coleção. Na estação seca, a produção de forragem foi regular e estável, situando-se próxima da média da coleção, porém com baixo acúmulo de material verde, o que elevou a participação do material senescido (Figura 20). O uso preferencial seria em ambientes úmidos e/ou com exploração mais intensa na estação chuvosa. Além disso, este grupo contém dois cultivares (Marandu e Vencedor), que na condição de referenciais já conhecidos para região dos Cerrados, habilitam os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-005819, BRA-009415 e BRA-010537 para prosseguirem no programa de seleção.

O grupo com maior número de genótipos (grupo 6) caracterizou-se pelo baixo desempenho produtivo na fase de estabelecimento, nas estações secas e chuvosas. Porém, o valor nutritivo da forragem nas águas situou-se na média da coleção, a qual foi baixa. Todavia, na estação seca houve alto acúmulo de material senescido, cuja participação na forragem situou-se próxima da média da coleção (Figura 20). O desempenho abaixo da média em diversos parâmetros, com o valor nutritivo de seus genótipos situado muito próximo da média, restringem a possibilidade de aproveitamento no programa de seleção para a Região dos Cerrados.

O grupo 7, apenas com o genótipo de *Paspalum* sp. BRA-012700, apresentou indicadores de desempenho extremamente favoráveis na fase de estabelecimento e estações secas e chuvosas. Todavia, o valor nutritivo de sua forragem no tocante ao teor de proteína bruta nas águas situou-se bem abaixo da média da coleção. Na Tabela 20 verifica-se que o valor registrado foi de 7,2%, parecendo não crítico se considerado o período de crescimento a que se refere este índice analítico (45 dias). Pela sua performance, mereceria ser melhor investigada a causa do seu baixo teor de proteína na forragem, pois a sua digestibilidade *in vitro* da matéria seca situou-se acima da média da coleção. Uma alternativa seria a utilização mais precoce de sua forragem produzida ou ainda como cobertura permanente noutros sistemas agrícolas.

O grupo 8, também com poucos genótipos (BRA-008613 e BRA-009105) demonstrou desempenho superior na fase de estabelecimento, regularidade e desempenho médio nas estações secas, porém com a forragem nessa estação tendo maior participação de tecidos vivos. A digestibilidade da forragem nas águas situou-se levemente abaixo da média da coleção, que pode ser considerada baixa. Este grupo de genótipos poderá ser útil em sistemas em que o estabelecimento, a utilização e o restabelecimento ou rotação da pastagem ocorrem num curto espaço de tempo.

No grupo 9, a maioria das variáveis avaliadas tiveram seus valores médios acima da média da coleção, exceto pelo menor teor de proteína bruta na forragem nas águas e pelo maior acúmulo de material senescido na estação seca. Destaca-se ainda pela alta digestibilidade *in vitro* da matéria seca da forragem na estação das águas. Nesse grupo está inserido o *Paspalum atratum* cv. Pojuca. O teor de proteína bruta, apesar de abaixo da média da coleção, registrou valor de 8,2% (amplitude 7,3-9,1%), não sendo tão crítico, como também apontado anteriormente para o grupo 7 (Figura 20, Tabela 20). Apesar de não ser excepcional, o desempenho dos genótipos de *Paspalum* spp. foi superior à média para várias das avaliações. Assim, os genótipos do grupo 9 podem ser identificados como superiores.

O grupo 10, o segundo em número de genótipos, apresentou diversas das variáveis com comportamento levemente acima da média da coleção, com destaque para a produção de forragem na segunda estação seca (1993). O valor nutritivo da forragem nas águas situou-se abaixo da média da coleção, não sendo tão crítico para o teor de proteína bruta. A média da digestibilidade *in vitro*, apesar de baixa (42,8%), situou-se próxima da registrada nos grupos 6 (45,9%) e 8 (43,0%) (Figura 20, Tabela 20). Esse grupo de genótipos deve ser rejeitado no programa por conta do desempenho superior não muito evidente para algumas variáveis, pela existência de outros grupos com genótipos apresentando melhor desempenho e numa dimensão (nº) que permite viabilizar avaliações subsequentes.

Portanto, foram identificados os genótipos BRA-005819, BRA-009415, BRA-010537, BRA-003824, BRA-006572, BRA-009610, BRA-014851 e BRA-018996 (grupos 5 e 9) como sendo os destaques da coleção para a condição de fertilidade inicial menor, podendo compor uma coleção de trabalho em estágios mais avançados do programa.

O genótipo BRA-012700 (grupo 7) poderá ser incorporado, a depender da melhor compreensão das causas de seu baixo teor protéico, bem como os genótipos do grupo 5 (BRA-008613 e BRA-009105).

Dentre os genótipos apontados como superiores, os genótipos BRA-009415, BRA-009610 (cv. Pojuca) e BRA-010537 já haviam sido avaliados anteriormente (Pizarro & Carvalho, 1992) e também recomendados para avaliação em estágios mais avançados do programa. Da mesma forma, os genótipos BRA-009415, BRA-010537, BRA-003824, BRA-009610 e BRA-014851 foram identificados como superiores quanto à produção e distribuição da forragem ao longo do ano por Batista & Godoy (2000), o que amplia a abrangência da informação gerada pelas equipes da EMBRAPA Pecuária Sudeste e EMBRAPA Cerrados e facilitaria a operacionalização de uma rede de ensaios com maior número de genótipos comuns.

4.1.5.B. Fertilidade Inicial Maior

Na Figura 21 é apresentado o diagrama de árvore com os grupos de genótipos constituídos nos sucessivos estágios da análise de agrupamentos.

Da mesma forma que na condição de fertilidade inicial menor, com a flexibilização da medida de similaridade, os agrupamentos ocorreram em grande escala com pequenas variações na distância de ligação (Figura 21 e Figura 22).

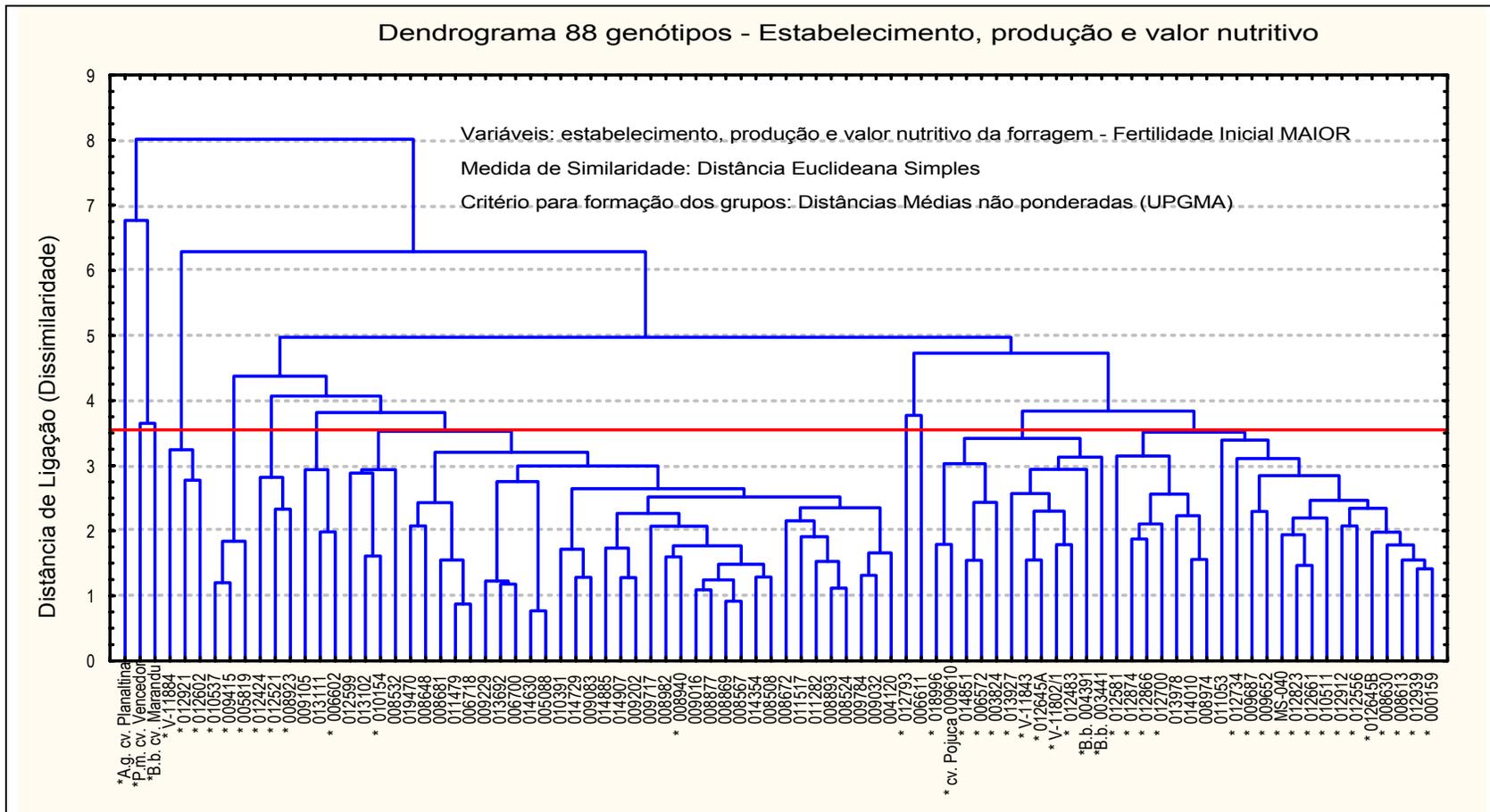


Figura 21. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade e grupos de acessos obtidos pela análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de maior fertilidade inicial do solo. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclidiana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). A linha horizontal contínua define o ponto de parada na formação dos agrupamentos. Definição do número de grupos (12) ampliada para maior discriminação entre grupos para os acessos de *Paspalum* spp..

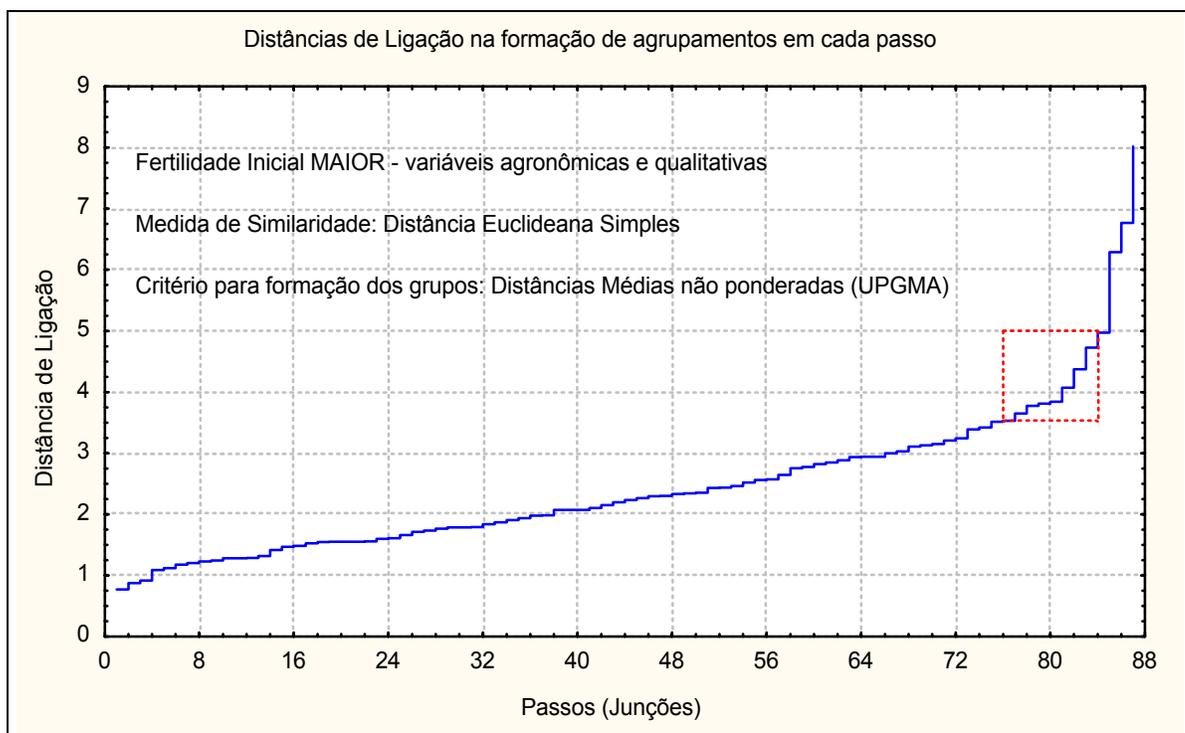


Figura 22. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade nos sucessivos passos da análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados na condição de maior fertilidade inicial do solo. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclidiana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). Definição do número de grupos (12) baseada na necessidade de estender um pouco mais a discriminação entre grupos para os acessos de *Paspalum* spp.

Pela Figura 22, a indicação do ponto de parada das junções dos grupos de genótipos em agrupamentos homogêneos seria por volta do passo 84, levando à definição de 4 grupos de genótipos. Novamente, não se teria a definição de um maior número de agrupamentos específicos para os genótipos de *Paspalum* spp., desejável para fins de discriminação na coleção. Com 4 grupos de genótipos ter-

se-ia apenas 2 grupos reunindo todos os genótipos de *Paspalum* spp.. Visando melhor discriminação dentro de *Paspalum* spp., optou-se pelo conjunto de 12 agrupamentos ou grupos de genótipos, sendo que 9 foram com genótipos de *Paspalum* spp. (Figura 21). Houve uma ampliação considerável do número de grupos porque o novo ponto de parada, apesar da pequena variação na distância de ligação, implicou uma fragmentação e a formação de grupos com poucos genótipos.

A composição dos grupos é apresentada na Tabela 21. Genótipos testemunhas não se agruparam com *Paspalum* spp. indicando divergência de comportamento dos cvs. Planaltina (Grupo 1), Vencedor (Grupo 2) e Marandu (Grupo 3) na condição de fertilidade inicial maior. Os demais genótipos, distribuídos em 9 grupos, formaram agrupamentos de diferentes tamanhos, com um deles multigenérico que incluiu o *Paspalum atratum* cv. Pojuca (Grupo 11) e as *Brachiaria* spp. BRA-003441 e BRA-004391 (Tabela 21). Os grandes grupos 8 e 12 reuniram mais de 60% da coleção original com 37 e 22 genótipos, respectivamente (Tabela 21).

A distribuição por grupo botânico e origem dos genótipos dos 12 grupos é apresentada na Tabela 22. O grupo 8, com maior número de genótipos, reuniu genótipos de três grupos botânicos e de várias origens (regiões). Todavia, prevaleceram genótipos coletados na Região Sul do Brasil (32) e do grupo Plicatula (34) coletados no Rio Grande do Sul. Dentre os 29 genótipos de *Paspalum* spp. do grupo Plicatula originários do Rio Grande do Sul, 20 foram reunidos neste grupo, respondendo por mais da metade do número de genótipos do agrupamento (Tabela 22).

O segundo maior agrupamento (Grupo 12) também abrangeu grupos botânicos e genótipos de várias origens, com predomínio de genótipos do grupo Plicatula coletados no Estado do Mato Grosso do Sul (12 genótipos). Outros agrupamentos formados apresentaram pequeno número de genótipos e mesmo assim foram mistos quanto à origem e/ou grupo botânico.

Tabela 21. Distribuição dos acessos de gramíneas em grupos constituídos pela análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem em acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outros gêneros (N=5) avaliados sob regime de corte na condição de MAIOR fertilidade inicial do solo no ambiente dos Cerrados. Método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilidade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 1-A para informações sobre os acessos.

Grupos	Genótipos N° BRA ou nome comercial, exceto sublinhados					
1	<i>Andropogon gayanus</i> cv. Planaltina					
2	<i>Panicum maximum</i> cv. Vencedor					
3	<i>Brachiaria brizantha</i> cv. Marandu (B.b.)					
4	012602	012921	<u>V-11884</u>			
5	005819	009415	010537			
6	008923	012424	012521			
7	006602	009105	013111			
8	004120	005088	006700	006718	008508	008524
	008532	008567	008648	008672	008681	008869
	008877	008893	008940	008982	009016	009032
	009083	009202	009229	009717	009784	010154
	010391	011282	011479	011517	012599	013102
	013692	014354	014630	014729	014885	014907
	019470					
9	012793					
10	006611					
11	<i>B.brizantha</i> B.b. 003441	003824	<i>B.brizantha</i> B.b. 004391	006572	cv. Pojuca 009610	012483
	013927	014851	018996	012645A	<u>V-11802/1</u>	<u>V-11843</u>
12	000159	008613	008630	008974	009652	009687
	010511	011053	012556	012581	012661	012700
	012734	012823	012866	012874	012912	012939
	013978	014010	012645B	<u>MS-040</u>		

Tabela 22. Distribuição por gênero, grupo botânico e local de origem dos grupos de acessos de *Paspalum* e de outras gramíneas constituídos pela análise de agrupamentos com base em variáveis ligadas à produção e ao valor nutritivo da forragem, avaliadas no âmbito dos Cerrados na condição de maior fertilidade inicial do solo.

GÊNERO	Grupo Botânico	Unidade da Federação ou Província	GRUPOS - Fertilidade Inicial MAIOR														Total	
			Dados	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Não se estabeleceu		
<i>Paspalum</i>	Notata	Não se aplica	Número de acessos % do Total													2 (2,1%)	2 (2,1%)	
		Corrientes	Número de acessos % do Total							1 (1,1%)							1 (1,1%)	
	Plicatula	GO	Número de acessos % do Total						1 (1,1%)		1 (1,1%)						2 (2,1%)	
		MG	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)		1 (1,1%)	2 (2,1%)	
		MS	Número de acessos % do Total						1 (1,1%)		1 (1,1%)			4 (4,3%)	8 (8,5%)		14 (14,9%)	
		MT	Número de acessos % do Total						2 (2,1%)								2 (2,1%)	
		PR	Número de acessos % do Total								1 (1,1%)	5 (5,3%)		1 (1,1%)	2 (2,1%)		9 (9,6%)	
		RS	Número de acessos % do Total							1 (1,1%)	2 (2,1%)	20 (21,3%)		1 (1,1%)	1 (1,1%)	1 (1,1%)	3 (3,2%)	29 (30,9%)
		SC	Número de acessos % do Total						1 (1,1%)			6 (6,4%)				3 (3,2%)	10 (10,6%)	
		SP	Número de acessos % do Total												1 (1,1%)		1 (1,1%)	
		Não disponível	Número de acessos % do Total												1 (1,1%)	2 (2,1%)	3 (3,2%)	
		Virgata	MS	Número de acessos % do Total				1 (1,1%)						1 (1,1%)		3 (3,2%)	5 (5,3%)	
			SC	Número de acessos % do Total										1 (1,1%)			1 (1,1%)	
			Não disponível	Número de acessos % do Total				1 (1,1%)								1 (1,1%)	2 (2,1%)	
	Não determinado	MS	Número de acessos % do Total				1 (1,1%)									1 (1,1%)		
		Não disponível	Número de acessos % do Total											1 (1,1%)	1 (1,1%)	2 (2,1%)		
	Não disponível	MS	Número de acessos % do Total										1 (1,1%)	1 (1,1%)	1 (1,1%)	3 (3,2%)		
	<i>Andropogon</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)												1 (1,1%)	
	<i>Brachiaria</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total			1 (1,1%)								2 (2,1%)	3 (3,2%)		
	<i>Panicum</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total		1 (1,1%)											1 (1,1%)	
Total Número de acessos				1	1	1	3	3	3	3	37	1	1	12	22	6	94	
(% do Total)				(1,1%)	(1,1%)	(1,1%)	(3,2%)	(3,2%)	(3,2%)	(3,2%)	(39,4%)	(1,1%)	(1,1%)	(12,8%)	(23,4%)	(6,4%)	(100,0%)	

O perfil da resposta por grupo e variável, com base nos valores originais, é apresentado na Tabela 23. Na Figura 23, os perfis médios estão representados graficamente com base nos valores padronizados (média coleção=0; variância=1) para a condição de fertilidade inicial maior, possibilitando a melhor comparação do desempenho por variável entre grupos.

Os grupos 1, 2 e 3 são constituídos, cada um, respectivamente, pelo cv. Planaltina, *Panicum maximum* cv. Vencedor e cv. Marandu. Face aos desempenhos bem acima da média da coleção, houve o isolamento desses genótipos em grupos com grande divergência de comportamento em relação aos genótipos de *Paspalum* spp.. Os genótipos Vencedor e Marandu apresentaram desempenhos excepcionais para o conjunto das variáveis, com 1 a 4 desvios acima da média (Figura 23). O *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (Grupo 1) primou pela superioridade nas águas e na fase de estabelecimento, com valor nutritivo da forragem acima da média para a DIVMS-REB45 e pouco abaixo da média (8,6% versus 9,4%) para o teor de proteína bruta (PB-REB45) nas águas (45 dias de crescimento). Na estação seca, o desempenho situou-se pouco abaixo ou acima da média (Tabela 23, Figura 23).

O grupo 4, com apenas 3 genótipos, caracterizou-se pelo desempenho acima da média da coleção, evidenciando especial adaptação às estações secas. Todavia, apresentou baixo valor nutritivo na forragem das águas, principalmente para a digestibilidade *in vitro* (28,5 - 36,0%). Esse baixo valor nutritivo também foi registrado na condição de fertilidade inicial menor (Figura 23, Tabela 23). Apesar da alta produção de forragem nas águas e nas secas, o baixo valor nutritivo da forragem tanto para o teor de proteína bruta (PB) como para a digestibilidade *in vitro* da massa seca (DIVMS), inviabilizam a utilização desses genótipos como recursos forrageiro, mas apenas como eventual fonte de palhada em outros sistemas agrícolas. Como são três genótipos, não se pode considerar o comportamento do grupo como exceção.

Tabela 23. Perfil dos grupos formados pela análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem em acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de outras gramíneas (N=5) avaliados sob regime de corte na condição de MAIOR fertilidade inicial do solo no ambiente dos Cerrados. Método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilidade baseada na distância Euclidiana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Grupos (nº genótipos)		% COB- EST92	MST- EST92 (kg/ha)	MVS- SECA92 (kg/ha)	MSS- SECA92 (kg/ha)	MST- SECA92 (kg/ha)	% MSS- SECA92	MST- SECA93 (kg/ha)	MST-Rebrota 45 dias CHUVA 92/93 (kg/ha)	MST- CHUVA92/93 (kg/ha)	MST- CHUVA93/94 (kg/ha)	% de PB na MST Rebrota 45 dias	DIVMS na MST Rebrota 45 dias
1	Média	83	9.520	906	832	1.738	48	1.100	6.076	29.473	36.596	8,6	52,5
(1)													
2	Média	83	8.157	6.798	16	6.814	0	1.849	5.157	30.297	13.858	12,8	56,4
(1)													
3	Média	88	9.249	4.787	154	4.941	3	1.438	6.470	28.849	34.075	12,4	61,9
(1)													
	Média	58	3.705	4.075	183	4.258	4	2.819	2.908	19.228	19.056	7,7	32,4
4	Máximo	75	5.986	4.902	278	5.073	7	3.104	3.357	20.925	20.405	8,5	36,0
(3)	Mínimo	40	0	3.308	101	3.586	3	2.595	2.025	18.337	18.167	7,1	28,5
	Média	62	5.095	76	555	630	85	121	2.524	15.797	9.984	12,3	58,6
5	Máximo	65	6.128	119	607	657	89	362	3.187	17.740	10.823	13,4	59,9
(3)	Mínimo	55	4.187	50	493	611	80	0	1.448	12.783	9.166	11,4	57,2
	Média	52	1.164	1.173	188	1.361	13	766	2.513	10.608	6.081	12,1	50,0
6	Máximo	53	3.491	1.705	379	2.083	19	963	3.277	18.090	8.762	12,7	52,6
(3)	Mínimo	50	0	771	55	825	8	510	1.134	4.660	1.667	11,4	45,5
	Média	68	5.274	723	784	1.507	60	253	1.874	6.706	1.364	9,7	39,0
7	Máximo	78	6.845	1.091	876	1.967	77	462	2.741	9.721	3.496	10,5	49,1
(3)	Mínimo	55	4.471	352	648	1.181	44	115	1.261	4.845	0	9,0	33,1
	Média	44	1.426	319	415	734	59	227	1.048	4.039	1.614	9,5	46,2
8	Máximo	78	4.185	2.275	958	2.863	97	1.405	2.047	9.219	7.160	12,5	59,5
(37)	Mínimo	23	0	9	6	96	1	0	0	743	0	7,1	32,5
9	Média	60	4.506	3.560	1.054	4.614	22	2.477	4.853	25.155	20.251	8,8	37,0
(1)													
10	Média	55	2.533	2.311	1.520	3.831	39	2.653	3.115	12.028	8.672	8,0	49,7
(1)													
	Média	60	4.287	2.394	678	3.031	25	1.209	4.591	19.922	14.299	9,4	56,6
11	Máximo	73	6.526	4.228	890	4.501	40	2.723	6.264	30.485	27.868	11,5	64,1
(12)	Mínimo	45	2.542	1.267	364	2.111	6	431	2.365	11.791	7.801	7,5	45,2
	Média	53	3.009	1.706	449	2.155	22	1.136	3.256	13.953	9.971	8,3	44,4
12	Máximo	85	7.361	2.849	924	3.633	36	1.982	4.316	21.897	14.614	10,0	56,0
(22)	Mínimo	23	0	576	129	788	7	161	1.892	7.862	2.149	5,8	32,4

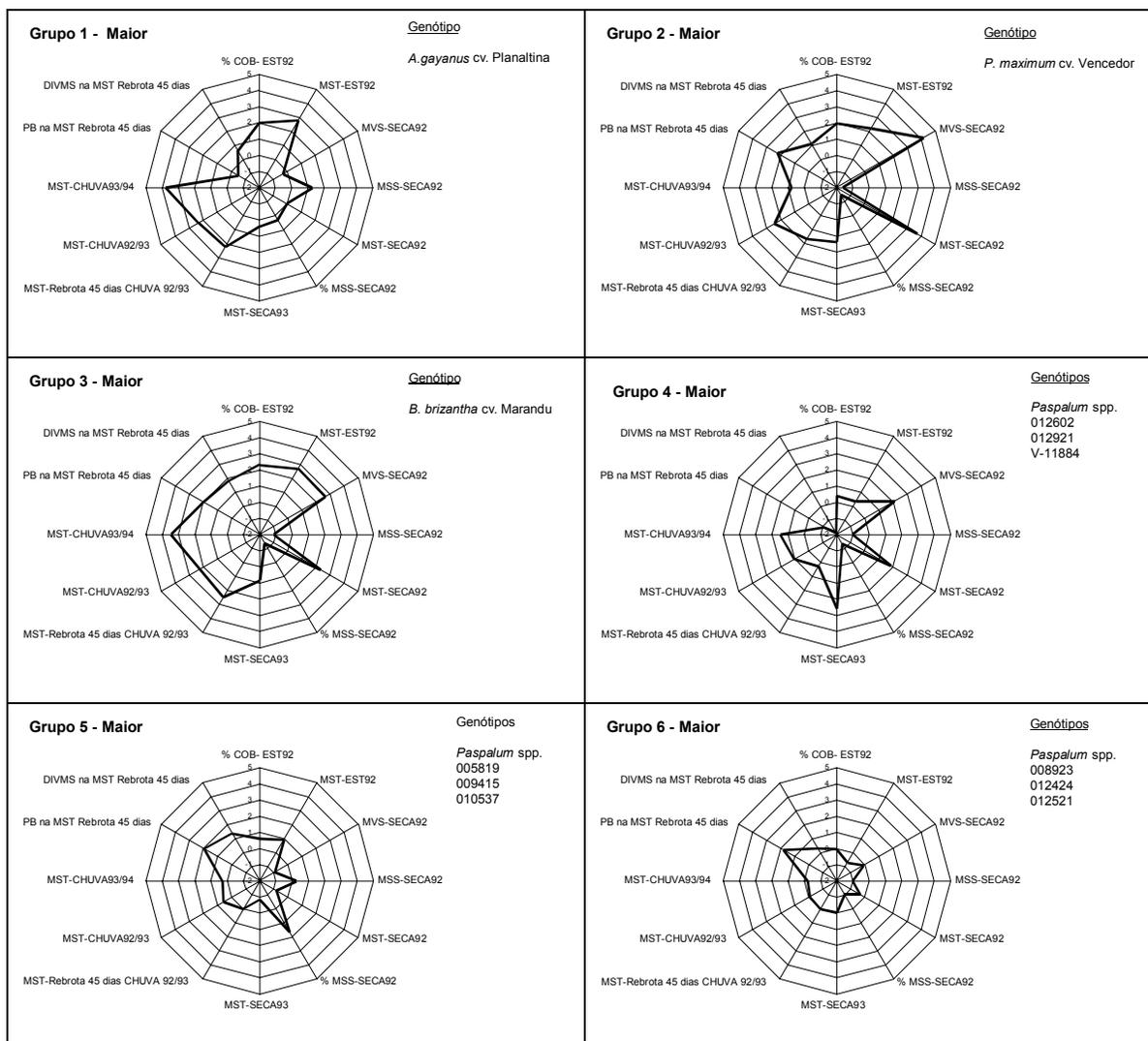
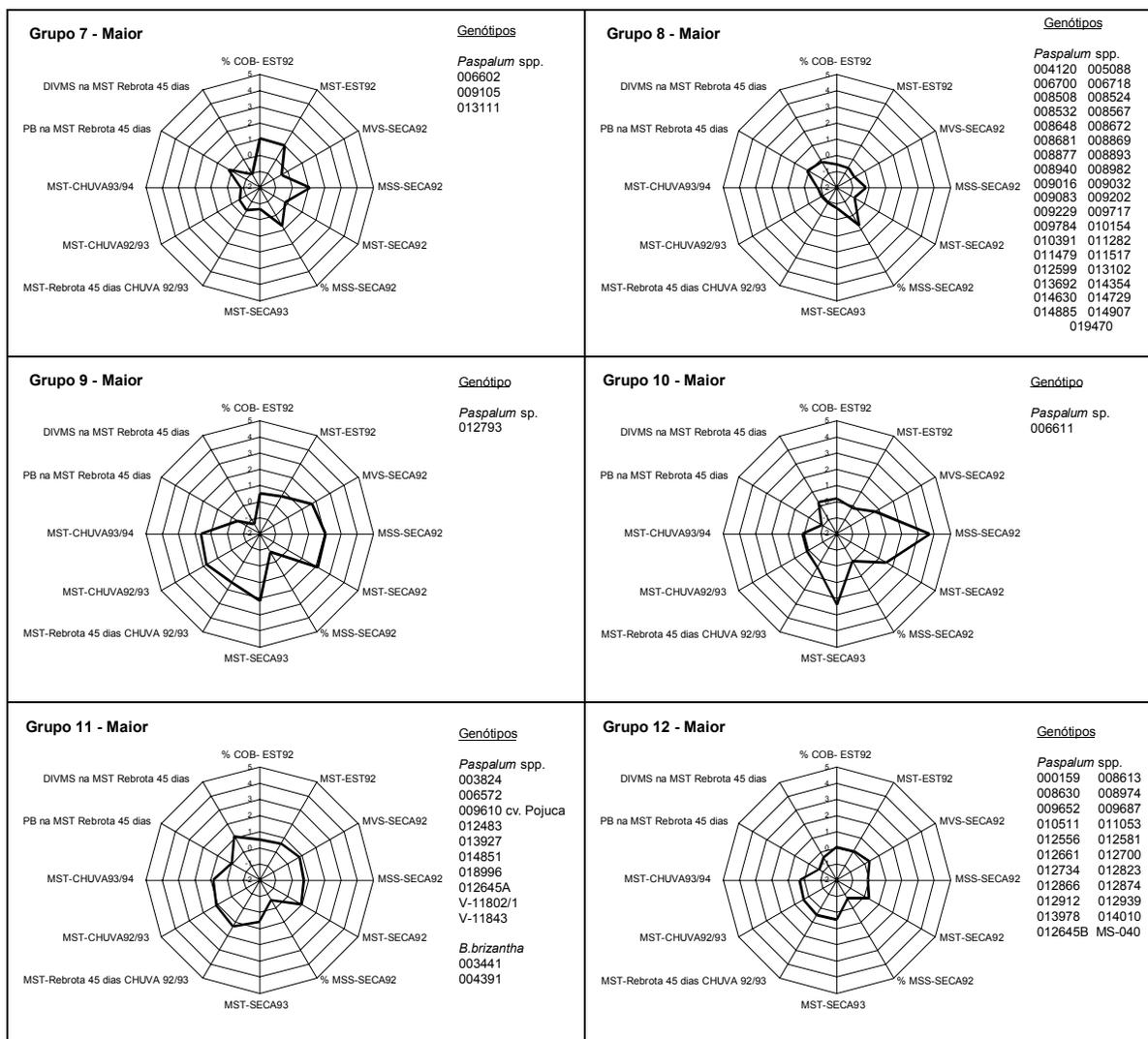


Figura 23. Perfil médio de resposta e composição dos grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos de variáveis ligadas à fase de estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem de uma coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros avaliados sob regime de cortes na condição de maior fertilidade inicial do solo, no âmbito dos Cerrados. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclidiana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.



Continuação Figura 23. Perfil médio de resposta e composição dos (12) grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos de variáveis ligadas à fase de estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem de uma coleção de acessos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros avaliados sob regime de cortes na condição de maior fertilidade inicial do solo no âmbito dos Cerrados. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclidiana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Com apenas três genótipos, o grupo 5 apresentou desempenho superior à média na estação chuvosa e na fase de estabelecimento, com destaque para a sua forragem de alto valor nutritivo. Na estação seca, a produção de forragem situou-se sempre abaixo da média, com baixo acúmulo de massa verde e elevada participação do material senescido (Figura 23, Tabela 23). O uso potencial de seus genótipos pode ser em áreas úmidas ou compondo sistemas integrados em que a exploração da forragem é mais intensa nas águas. Como o valor nutritivo da forragem no grupo é alto, fato não muito comum nesta coleção, este grupo é passível de aproveitamento para fim forrageiro.

O grupo 6, também com três genótipos, caracterizou-se por baixa dispersão em torno da média da coleção para as variáveis ligadas à fase de estabelecimento e à produção de forragem nas estações chuvosas e secas. Todavia, na estação seca destacou-se pela baixa produção e participação de material senescido, superando o desempenho dos genótipos do grupo 5. Além disso, o valor nutritivo da forragem nas águas situou-se acima da média, principalmente quanto ao teor de proteína bruta (Figura 23, Tabela 23). Apesar dos altos teores de PB na forragem, a produção nas estações chuvosas não foi merecedora de destaque. Trata-se de um grupo com genótipos de desempenho intermediário.

O grupo 7, composto pelos genótipos de *Paspalum* spp. BRA-006602, BRA-009105 e BRA-013111, destacou-se, em relação à média da coleção, apenas na fase de estabelecimento e no tocante ao valor nutritivo da forragem, principalmente quanto à digestibilidade *in vitro*. A sua produção de forragem foi baixa nas estações secas e principalmente nas chuvosas (Figura 23, Tabela 23), apresentando, portanto, baixo mérito forrageiro.

O grupo 8 reuniu o maior número de genótipos (37), mas apresentou o maior número de indicadores negativos de desempenho, apenas a média para o teor de proteína bruta da forragem nas águas esteve próximo à média da coleção. Mesmo quando considerado o valor máximo registrado para o grupo, e não a

média, algumas poucas variáveis ligadas ao valor nutritivo e à fase de estabelecimento conseguem suplantar a média da coleção (Figura 23, Tabela 23).

O grupo 9, apenas com o genótipo de *Paspalum* sp. BRA-012793, apresentou indicadores de desempenho extremamente favoráveis na fase de estabelecimento e estações secas e chuvosas. Todavia, lamentavelmente o valor nutritivo de sua forragem nas águas situou-se abaixo da média da coleção, principalmente quando considerada a digestibilidade *in vitro* (37,0%). O baixo valor da digestibilidade também foi registrado na condição de fertilidade inicial menor. Quanto ao teor de proteína bruta (8,8%) não parece tão crítico pelo período de crescimento considerado (Figura 23, Tabela 23). Assim, verificou-se o mesmo comportamento ocorrido com o genótipo BRA-012700 na condição de fertilidade inicial menor. É recomendável uma averiguação acerca do baixo valor nutritivo, haja vista a superioridade produtiva do mesmo. Uma opção de uso seria para fins não pastoris, como cobertura vegetal permanente ou como fonte de palhada.

O grupo 10, também com um genótipo apenas (*Paspalum* sp. BRA-006611), caracterizou-se pela alta produção de forragem nas estações seca, mas com alta produção e participação de material senescido. Apresentou desempenho muito próximo da média da coleção tanto na fase de estabelecimento como nas estações chuvosas. O teor de proteína bruta da forragem nas águas situou-se abaixo da média da coleção, enquanto que o valor para a digestibilidade *in vitro* (49,7%) situou-se próximo, porém acima, da média da coleção (47,3%) (Figura 23, Tabela 23). Considerando a condição de fertilidade inicial maior, esperava-se uma resposta produtiva mais marcante nas estações chuvosas, a qual não foi correspondida.

O multiespecífico grupo 11, com dez genótipos de *Paspalum* spp., reuniu, além do cv. Pojuca, os genótipos de *Brachiaria brizantha* BRA-003441 e BRA-004391, os quais tiveram desempenho elevado na condição de fertilidade inicial menor. O grupo caracterizou-se pela superioridade em relação à média (0,5 a 1,5 desvios) para a quase totalidade das variáveis. Exceções ocorreram para a

produção de material senescido, que foi mais elevada que a média da coleção, e para o teor de proteína bruta na forragem que foi igual à média da coleção (9,4%). Merece destacar, também, a digestibilidade *in vitro* da forragem (56,6%) que situou-se bem acima da média da coleção (47,3%) (Figura 23, Tabela 23). O desempenho na fase de estabelecimento e na estação seca, apesar de superiores, não apresentaram respostas de grande magnitude. Assim, dado o equilíbrio ou a superioridade em grande parte dos indicadores, este grupo reuniu genótipos que podem ser aproveitados nos estágios mais avançados da avaliação de plantas forrageiras para a região.

O grupo 12, o segundo em número de genótipos (22), apresentou diversas das variáveis com comportamento levemente acima da média da coleção (0-0,5 desvios). No entanto, não merecedoras de maior destaque. O valor nutritivo da forragem nas águas situou-se abaixo da média da coleção, não sendo tão crítico quanto ao teor de proteína bruta. A média da digestibilidade *in vitro* foi de 44,4% (Figura 23, Tabela 23). Aparentemente os genótipos do grupo 12 mostraram-se semelhantes aos do grupo 11 quanto ao padrão de comportamento para o conjunto das variáveis. Todavia, diferindo quanto à magnitude das respostas para a produção de forragem e valor nutritivo da forragem, que foram menores e próximas das registradas pela média da coleção. Não seria oportuna a avaliação do grupo em estágios mais avançados de seleção de germoplasma forrageira por conta do menor desempenho produtivo que o registrado no grupo 11.

Assim, podem ser considerados como destaques os genótipos dos grupos 5 e 11: BRA-005819, BRA-009415, BRA-010537, BRA-003824, BRA-006572, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-012483, BRA-013927, BRA-014851, BRA-018996, BRA-012645A, V-11802/1 e V-11843. A relação pode ser acrescida do genótipo BRA-012793 (Grupo 9), após investigação sobre o seus baixos indicadores do valor nutritivo. Os genótipos do grupo 5 (BRA-005819, BRA-009415, BRA-010537) deverão ser explorados preferencialmente na estação chuvosa e em áreas úmidas, pelo menor desempenho na estação seca.

Verifica-se que os genótipos BRA-012483, BRA-013927, BRA-012645A, V-11802/1 e V-11843 constituíram indicações exclusivas para a condição de fertilidade inicial maior e as demais indicações para esta condição de fertilidade coincidem com as indicações para a condição de fertilidade inicial menor.

Os genótipos BRA-009415, BRA-010537 e BRA-009610 (cv. Pojuca) voltaram a se destacar, pois também foram identificados como superiores na condição de fertilidade inicial menor deste experimento e já haviam sido avaliados e recomendados anteriormente por Pizarro & Carvalho (1992) para avaliação em estágios mais avançados do programa. Além dos genótipos BRA-009415, BRA-010537, BRA-003824, BRA-009610 e BRA-014851 que se destacaram nas duas condições de fertilidade inicial. Observou-se ainda que os genótipos BRA-012483 e BRA-012645A, que se destacaram exclusivamente na condição de fertilidade inicial maior, também foram superiores em desempenho na avaliação efetuada na EMBRAPA Pecuária Sudeste em São Carlos-SP (Batista & Godoy, 2000).

A análise de agrupamentos mostrou-se oportuna para a avaliação da coleção, pois dado o número de genótipos e das avaliações, tornou-se extremamente complexa a integração das performances dos genótipos individualmente (Manly, 1997), para identificação daqueles cujo comportamento é diferenciado e superior.

A antecipação do ponto em que seriam cessadas as junções dos grupos, definindo o número de agrupamentos dos genótipos foi adequada em ambas as condições de fertilidade em que a coleção foi avaliada. Apesar da expansão do número de agrupamentos, pôde-se discriminar um pouco mais o comportamento dos genótipos de *Paspalum* spp.. Até porque os agrupamentos formados em menores distâncias de ligação, a exemplo do ocorrido com a antecipação do ponto de parada das fusões, apresentam maior homogeneidade de comportamento dos seus componentes (intragrupo).

Não foram frequentes os agrupamentos mistos formados com genótipos de *Paspalum* spp. e com as testemunhas de outros gêneros, que seriam as principais

referências como traçadores de desempenho. As diferenças de desempenho entre *Paspalum* spp. e os demais genótipos no conjunto das avaliações, apresentadas nos itens anteriores, definiram este comportamento.

4.2. Persistência dos genótipos

Seis genótipos de *Paspalum* spp. não conseguiram se estabelecer e a coleção de trabalho passou a ter apenas 88 genótipos. As avaliações que se seguiram e que compreenderam a fase I, denominada de “estabelecimento, produção e do valor nutritivo da forragem” se estenderam até maio de 1994, com os genótipos sendo poupados da desfolha quando a altura do corte não era atingida. Nesse período, e principalmente na etapa de estabelecimento, vários genótipos não atingiram a altura de corte, mas permaneceram sendo avaliados na condição de sobreviventes com produção de forragem nula. Na última avaliação da fase I (maio 1994 - produção de forragem na segunda estação chuvosa - MST-CHUVA93/94), oito genótipos também não apresentaram produção de forragem nas duas condições de fertilidade do solo (Tabela 3-A).

No período entre a fase I do experimento, concluída com a uniformização da área experimental, e a fase II, denominada de “fenologia reprodutiva e produção de sementes”, a coleção de trabalho passou por apenas duas desfolhações nos anos que se seguiram, sempre ao início de cada estação chuvosa (1994/95 e 1995/96). Nesse período, ocorreu alta mortalidade dos genótipos de *Paspalum* spp. em ambas as condições de fertilidade inicial da área experimental, sem que algum ataque de pragas ou infestação por doenças tenha ocorrido. Com a alta mortalidade, a coleção de trabalho ficou restrita a 46 genótipos (49% dos genótipos semeados), sendo 5 testemunhas de outros gêneros (Tabela 24).

Apesar de se ter em outubro de 1995 uma suposta homogeneidade dos índices analíticos do solo da área experimental (menor e maior fertilidade), o fato de a mortalidade dos genótipos ter se estendido às parcelas de ambas as

condições de fertilidade inicial, sugere que o principal determinante para a mortalidade não foi a condição de fertilidade e sim a exposição prolongada às adversidades do clima. Um outra possibilidade seria a combinação dos efeitos das condições climáticas com o efeito cumulativo das desfolhações. No entanto, o regime de desfolhações não pode ser considerado severo (frequente e/ou intenso).

Tabela 24. Relação dos genótipos da coleção de *Paspalum* spp. e de gramíneas dos gêneros *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria* que persistiram ou não ao período de avaliação num ambiente dos Cerrados. Fase I - avaliação do estabelecimento e da produção de forragem (1992 a 1994). Fase II - avaliação da fenologia reprodutiva e da produção de sementes (1995 e 1996).

Persistiram até junho de 1996 (N=46) [Nº BRA ou nº de coleta (V:J.F.M.Valls; MS:M.S.França-Dantas)]					
000159	003824	005819	006572	006602	008613
008630	008923	008940	009415	cv. Pojuca 009610	009652
009687	010154	010511	010537	012424	012483
012521	012556	012581	012602	012645A	012645B
012661	012700	012734	012793	012823	012866
012874	012912	012921	012939	013927	014851
018996	MS-040	V-11802/1	V-11843	V-11884	-
<i>B.brizantha</i>	<i>B.brizantha</i>	<i>P.maximum</i> cv.	<i>A.gayanus</i> cv.	<i>B.brizantha</i> cv.	
003441	004391	Vencedor	Planaltina	Marandu	
Não se estabeleceram (<u>sublinhados</u>), não apresentaram número suficiente de observações para observações fenológicas (<i>em itálico</i>) ou não persistiram até dezembro de 1995 (demais) (N=48)					
004120	005088	006611	006700	006718	008508
008524	008532	008567	008648	008672	008681
008869	008877	008893	<u>008958</u>	<i>008974</i>	<i>008982</i>
009016	<i>009032</i>	009083	009105	009202	009229
009717	009784	010391	011053	<u>011207</u>	011282
<u>011355</u>	011479	011517	012599	<i>013102</i>	013111
013692	<i>013978</i>	<i>014010</i>	014354	014630	014729
<u>014826</u>	<i>014885</i>	014907	019470	BE1 Hib apomítico	<u>BE1 Hib sexual</u>

Além disso, a maior parte do período de avaliação da produção de forragem (fase I) e do período (intervalo) entre as fases I e II foi caracterizado pelo regime hídrico desfavorável, com registros abaixo da média histórica para as estações chuvosas e estações secas, exceto para a etapa de estabelecimento das plantas (Tabela 1), o que ratifica a prevalência das condições do clima como críticas para a persistência dos genótipos.

A baixa persistência de grande parte dos genótipos da coleção só pôde ser constatada graças ao prolongamento do período de avaliação, uma vez que no início da estação chuvosa 1994/95 a coleção permanecia inalterada em relação ao número de genótipos da última avaliação da produção de forragem (chuva 1993/94). Evidenciou-se que a experimentação de maior duração em pastagens perenes é sempre vantajosa para o acúmulo de informação, cobrindo variações entre e dentro de anos.

Na Tabela 25 é apresentada a distribuição por grupo botânico e origem dos genótipos sobreviventes e daqueles que não persistiram ou não se estabeleceram. Pela representatividade, se analisados os grupos botânicos e locais de origem com maior número de acessos, constata-se que a sobrevivência/persistência foi de 37,5% para os genótipos do grupo Plicatula (n=72), 86% para os genótipos do grupo Plicatula originários do Estado do Mato Grosso do Sul (n=14), 14% para os genótipos do grupo Plicatula originários do Estado do Rio Grande do Sul (n=29), 30% para os genótipos do grupo Plicatula originários do Estado de Santa Catarina (n=10), 11% para genótipos do grupo Plicatula originários do Estado do Paraná (n=9) e 100% para os genótipos do grupo Virgata (n=8).

Esta caracterização do perfil (grupo botânico e da região de coleta/origem) dos genótipos sobreviventes e daqueles que não persistiram é importante para a reconsideração dos grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos utilizada anteriormente como a principal ferramenta matemática para orientação da seleção dos genótipos. A caracterização do perfil dos genótipos sobreviventes

ou que não persistiram a partir dos dados de passaporte também é valiosa para o redirecionamento das coletas e das introduções futuras.

Tabela 25. Distribuição por gênero, grupo botânico e local de origem dos acessos de *Paspalum* e de outras gramíneas que persistiram ou não sobreviveram quando avaliadas no âmbito dos Cerrados em duas condições de fertilidade inicial do solo.

GÊNERO	Grupo Botânico	Unidade da Federação ou Província	Variável	Persistiu por mais de 4 anos	Não sobreviveram	Não se estabeleceram	Total
<i>Paspalum</i>	Notata	Não se aplica	Número de acessos % do Total			2 (2,1%)	2 (2,1%)
		Corrientes	Número de acessos % do Total		1 (1,1%)		1 (1,1%)
	Plicatula	GO	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)		1 (1,1%)	2 (2,1%)
		MG	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)	1 (1,1%)		2 (2,1%)
		MS	Número de acessos % do Total	12 (12,8%)	2 (2,1%)		14 (14,9%)
		MT	Número de acessos % do Total	2 (2,1%)			2 (2,1%)
		PR	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)	8 (8,5%)		9 (9,6%)
		RS	Número de acessos % do Total	4 (4,3%)	22 (23,4%)	3 (3,2%)	29 (30,9%)
		SC	Número de acessos % do Total	3 (3,2%)	7 (7,4%)		10 (10,6%)
		SP	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)			1 (1,1%)
		Não disponível	Número de acessos % do Total	2 (2,1%)	1 (1,1%)		3 (3,2%)
		Virgata	MS	Número de acessos % do Total	5 (5,3%)		
	SC		Número de acessos % do Total	1 (1,1%)			1 (1,1%)
	Não disponível		Número de acessos % do Total	2 (2,1%)			2 (2,1%)
	Não determinado	MS	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)			1 (1,1%)
		Não disponível	Número de acessos % do Total	2 (2,1%)			2 (2,1%)
	Não disponível	MS	Número de acessos % do Total	2 (2,1%)	1 (1,1%)		3 (3,2%)
<i>Andropogon</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)			1 (1,1%)
<i>Brachiaria</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	3 (3,2%)			3 (3,2%)
<i>Panicum</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)			1 (1,1%)
Total Número de acessos (% do Total)				45 (47,9%)	43 (45,7%)	6 (6,4%)	94 (100,0%)

Assim, passaram a recair restrições adicionais sobre os grupos 8 e 10 constituídos a partir das avaliações na condição de fertilidade inicial menor, e sobre os grupos 7, 8 e 12 constituídos na condição de fertilidade inicial maior. Alguns desses grupos apresentaram grande dimensão (número de genótipos), o que praticamente propiciou a reunião de todos os genótipos que não persistiram, dando mais uma indicação da adequação da técnica de análises de agrupamentos.

Uma outra informação muito importante para o programa de seleção com o gênero *Paspalum* L. é possibilidade de reorientação e refinamento das futuras introduções. Experimentos anteriores apontaram os genótipos do grupo botânico *Plicatula* como promissores para produção de forragem. Todavia, neste experimento a persistência /sobrevivência média dos genótipos avaliados deste grupo foi baixa (37,5%). No entanto, quando se considera a região de origem a persistência ou sobrevivência eleva-se para 86% (p.ex., Mato Grosso do Sul) ou baixa para 14% (p.ex., Rio Grande do Sul).

Os resultados deste experimento categoricamente apontam para a necessidade das futuras introduções e/ou coletas contemplarem em maior proporção genótipos do grupo *Plicatula* provenientes do Estado do Mato Grosso do Sul ou, por outro ponto de vista, que as introduções provenientes da Região Sul do Brasil não sejam as preferenciais. Vale ressaltar que não se trata de uma sugestão destinada à exclusão desses genótipos dos programas de seleção, mas de uma opção preferencial, diante de um registro concreto, para um contexto de recursos escassos. Até porque, se verificada a composição por local de origem e grupo botânico dos genótipos que se destacaram (Tabelas 19 e 22), com base na análise de agrupamentos, observa-se que há genótipos originários da Região Sul e Sudeste do Brasil que mostraram-se aptos a serem avaliados em provas mais avançadas do programa de seleção.

Também há a indicação cautelosa, pelo pequeno número de genótipos considerados, de que genótipos do grupo *Virgata* tenham ampliada a sua base genética sob avaliação no ambiente dos Cerrados.

Batista & Godoy (2000) ao efetuarem o cruzamento das informações sobre o desempenho agrônomo de *Paspalum* spp. para a produção de forragem e estacionalidade da produção, verificaram que havia uma associação entre o local de origem ou de coleta do genótipo e o seu desempenho agrônomo. A partir daí, sugeriram que estes locais seriam preferenciais para a coleta com fins de introdução para avaliação do uso potencial na região sudeste do Brasil. Definiram a região entre os paralelos 19° e 22° de latitude Sul e os meridianos 47° e 63° de longitude Oeste como locais prioritários de coleta, uma vez que quase 50 % dos genótipos que se destacaram tiveram seu local de origem confinado a esta região.

Idealmente, para a concreta reorientação das introduções poderia-se trabalhar com um coleção que reunisse genótipos de vários grupos, locais e espécies selecionados por amostragem estratificada para melhor averiguação da resposta no ambiente dos Cerrados. Estaria lançado o desafio para a formação da coleção nuclear de *Paspalum* L.

Pôde-se observar, ainda, que dentre os genótipos apontados como promissores, a maior parte pertence a espécie *Paspalum guenoarum* Arechav., do grupo botânico Plicatula.

4.3. Avaliação da fenologia reprodutiva e da produção de sementes

As avaliações desta fase foram efetuadas apenas em 46 genótipos sobreviventes, haja vista a elevada mortalidade de genótipos no período entre os anos de 1994 e 1995, ou seja, após as avaliações do potencial para a produção de forragem, sendo esse fato atribuído às adversidades do clima, em especial da estação seca que foi bastante severa para os genótipos provenientes de regiões com regime hídrico mais favorável e mais regular. Ademais, apenas 45 genótipos foram efetivamente analisados, pois o genótipo BRA-009652 não floresceu.

As avaliações efetuadas nesta fase não foram adotadas como critério para a seleção de genótipos, sendo de natureza relevante para fins de caracterização e orientação acerca da melhor estratégia de inserção dos mesmos nos sistemas de produção animal e com vistas a elevação da produção e rendimento de sementes.

4.3.1. Análise de variância multivariada

Verificaram-se efeitos significativos ($P < 0,01$) para o contraste entre a média dos genótipos do gênero *Paspalum* e a média dos genótipos dos demais gêneros (*Brachiaria*, *Panicum* e *Andropogon*), bem como entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e a média dos demais genótipos do gênero *Paspalum* da coleção (Tabela 26), quando consideradas as variáveis produção de sementes colhidas ou sementes aparentes (total de espiguetas + cariópses), produção de sementes puras e dias para o início, pico e final da emissão das inflorescências e para o início, pico e final da colheita dos cariópses maduros. O efeito significativo ($P < 0,05$) para os dois contrastes entre genótipos ou grupos de genótipos indicou que na coleção de genótipos sobreviventes há variabilidade fenotípica para as variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes, com possibilidade de seleção de genótipos diferenciados dos demais.

4.3.2. Análise de variância univariada e estatísticas descritivas

A análise de variância univariada apresentou efeito significativo ($P < 0,05$) de genótipos para as variáveis medidas diretamente e para as variáveis geradas, exceto uma delas (duração do período entre o pico da emissão das inflorescências e o pico da colheita das sementes) (Tabela 4-A - Apêndices). Também prevaleceram efeitos significativos ($P < 0,05$) dos contrastes entre a média para gramíneas do gênero *Paspalum* spp. e a média para gramíneas de outros gêneros. Para o contraste entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e a média dos demais genótipos de *Paspalum* spp., os efeitos significativos ($P < 0,05$) não

foram tão frequentes. Mesmo assim, há a possibilidade de seleção para grande parte das variáveis analisadas. O detalhamento dessa informação será apresentado a seguir para cada uma das variáveis.

As médias por genótipo para as variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes são apresentadas na Tabela 5-A (Apêndices).

Tabela 26. Efeito de contrastes na análise de variância multivariada para um conjunto de variáveis¹ ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes numa coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e testemunhas dos gêneros *Andropogon*, *Brachiaria* e *Panicum* avaliadas no âmbito dos Cerrados.

Causa de variação ²	Valores Teste Pillai's Trace	Valor para aproximação de F	GL (Numerador e Denominador)	Prob >F
Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros (testemunhas)	0,7557	23,72	9 69	0,0001
Contraste <i>Paspalum atratum</i> cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	0,6705	15,61	9 69	0,0001

¹ SEMCOL; SEMPURAC; IEI; PEI; FEI; IC; PC e FC.

² O efeito de genótipo não foi considerado por conta do número de observações e ou repetições ser inferior ao número de variáveis consideradas na análise.

4.3.2.A. Início, Pico e Final do período de emissão de inflorescências

4.3.2.A.I. Início da emissão de inflorescências

O início da emissão das inflorescências aconteceu 94 ± 31 dias (média \pm desvio padrão) após a uniformização nos genótipos de *Paspalum* spp., sendo significativamente menor ($P < 0,01$) que os 109 ± 43 dias registrados para os cinco genótipos dos demais gêneros e os 142 dias observados para o *Paspalum atratum* cv. Pojuca (Tabela 4-A, Tabela 5-A, Figura 24). Todavia, a amplitude de valores foi apreciável, tanto para *Paspalum* spp. (44-159 dias) como para os demais genótipos (53-173 dias) (Figura 24).

Destacaram-se pela precocidade do início da emissão das inflorescências (cinco menores médias: 44 a 53 dias) os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-006602, BRA-008613, BRA-008630 (44 dias), BRA-012912, BRA-012939 e *B.brizantha* BRA-004391. Por serem tardios (cinco maiores médias: 142-173 dias), os genótipos BRA-005819 (159 dias), BRA-009415, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-010537, a *B.brizantha* BRA-003441 e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (173 dias) (Tabela 5-A).

Vale salientar que esta apresentação dos genótipos que se destacaram teve caráter amostral e ilustrativo, uma vez que tomou-se como critério apenas as médias absolutas registradas nas avaliações, sem levar em consideração os testes de comparações múltiplas efetuados e apresentados na Tabela 5-A.

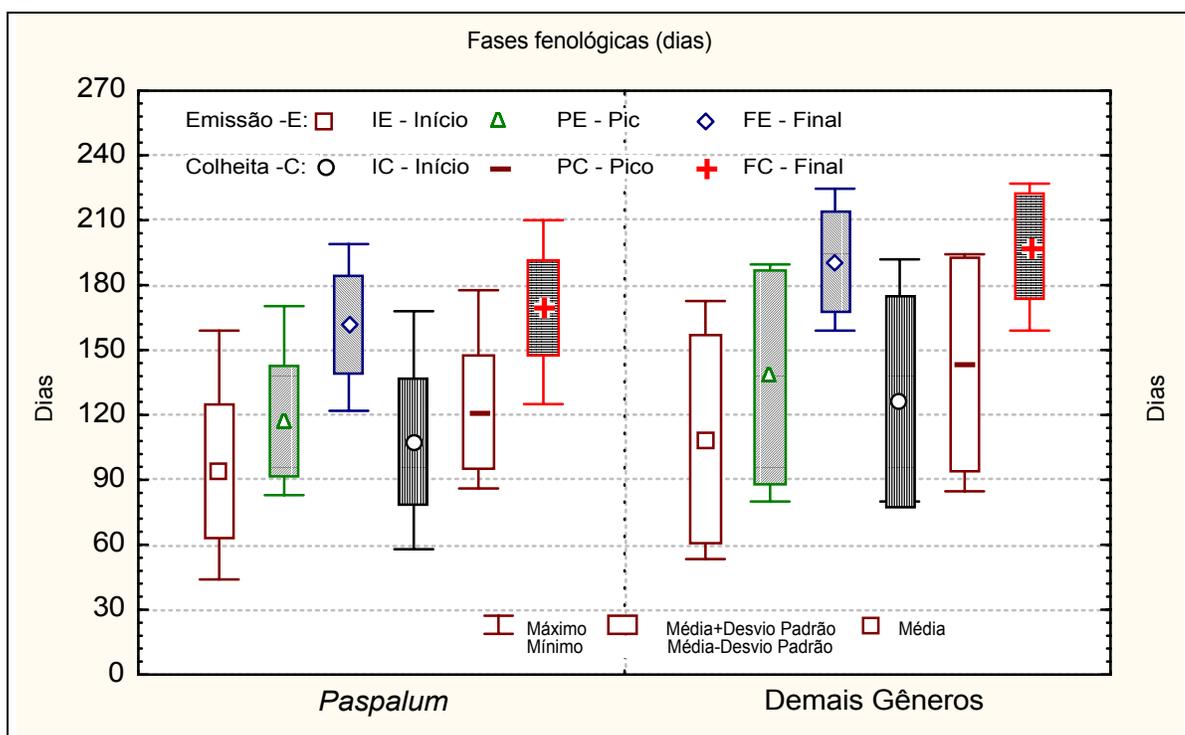


Figura 24. Limite e duração de fases fenológicas reprodutivas (dias após o corte de uniformização e à adubação) em genótipos de *Paspalum* spp. (N=40) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) que sobreviveram quando avaliados sob regime de cortes em um ambiente dos Cerrados. Planaltina-DF.

4.3.2.A.II. Pico da Emissão de inflorescências

Ocorreu em média com 117 ± 26 dias (média \pm desvio padrão) para os genótipos de *Paspalum* spp. e com 138 ± 44 dias (média \pm desvio padrão) para os demais genótipos, diferindo significativamente ($P < 0,01$). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca (157 dias) diferiu ($P < 0,05$) dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabelas 4-A e 5-A). A amplitude de valores para *Paspalum* spp. foi de 83 a 170 dias, enquanto que para os demais genótipos foi de 53 a 173 dias (Figura 24).

Entre os genótipos precoces, sobressaíram-se (valor extremo inferior entre 80 e 86 dias) os genótipos de *Paspalum* spp. BRA- 008613, BRA-008630, BRA-008940, BRA-012939 (83 dias) e a *B.brizantha* BRA-004391 (80 dias). Entre os tardios, destacaram-se (valor extremo superior 157-190 dias) os genótipos BRA-005819 (170 dias), BRA-009415, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-010537, a *B.brizantha* BRA-003441 e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (190 dias) (Tabela 5-A).

4.3.2.A.III. Final da emissão de inflorescências

Os genótipos de *Paspalum* spp. finalizaram a emissão das inflorescências após 162 ± 22 dias (média \pm desvio padrão), significativamente menor ($P < 0,01$) que os 190 ± 44 dias (média \pm desvio padrão) registrados para os demais gêneros. O *Paspalum atratum* cv. Pojuca (170 dias) não diferiu ($P > 0,05$) da média dos demais *Paspalum* spp. (Tabela 4-A, Tabela 5-A, Figura 24). A amplitude de valores foi de 122-199 dias para *Paspalum* spp. e de 159-225 dias para os demais genótipos (Figura 24). Se não fosse pelo *Panicum maximum* cv. Vencedor (159 dias), a amplitude seria menor para os demais genótipos (189-225 dias) (Tabela 5-A).

Destacaram-se pelas menores médias (cinco menores médias: 122 a 126 dias) apenas genótipos de *Paspalum* spp.: BRA-008630 (122 dias), BRA-012700, BRA-012939, BRA-012700, BRA-013927 e V-11884. E por terem as maiores médias (cinco maiores médias: 197-225 dias), os genótipos BRA-005819 (199 dias), BRA-008940, BRA-009415, BRA-012661 e a *B.brizantha* cv. Marandu (225 dias). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca finalizou o período de emissão de inflorescências com 170 dias após a uniformização (Tabela 5-A).

4.3.2.B. Início, Pico e Final do período de colheita das sementes

4.3.2.B.I. Início da colheita

O início da colheita das sementes ocorreu após 107 ± 29 dias (média \pm desvio padrão) após a uniformização para os genótipos de *Paspalum* spp. e 127 ± 44 dias para os genótipos dos demais gêneros, diferindo significativamente ($P < 0,01$). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca, com 157 dias, diferiu da média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 4-A, Tabela 5-A, Figura 24). Assim como na emissão das inflorescências, amplitude de valores foi apreciável, tanto para *Paspalum* spp. (58-168 dias) como para os demais genótipos (80-192 dias) (Figura 24).

Destacaram-se pela precocidade do início da colheita (menores médias: 58 a 73 dias), os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-006602 (58 dias), BRA-008613, BRA-008630, BRA-012912, BRA-012939 e a *B.brizantha* BRA-004391. Dentre aqueles com início tardio da colheita das sementes (cinco maiores médias: 157-192 dias), destacaram-se os genótipos BRA-005819 (168 dias), BRA-009415, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-010537, a *B.brizantha* BRA-003441 (164 dias) e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (192 dias) (Tabela 5-A). Constatou-se, portanto, serem os mesmos genótipos que se destacaram quanto a data ou tempo para o início da emissão das inflorescências.

4.3.2.B.II. Pico da colheita

Após 122 ± 26 dias (média \pm desvio padrão) ocorreu o pico da colheita de sementes nos genótipos de *Paspalum* spp., diferindo significativamente ($P < 0,01$) do registrada para os genótipos dos demais gêneros (143 ± 44 dias). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca, com 157 dias, diferiu ($P < 0,05$) da média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 5-A, Figura 24). Em *Paspalum* spp. a resposta variou de 86 a 178, enquanto que para os demais genótipos variou de 85 a 194 dias, mais um vez ampliada pelo comportamento tardio do *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (Tabela 4-A, Tabela 5-A, Figura 24).

Destacaram-se pelo rápido alcance do pico da colheita (menores médias: 85 a 91 dias), os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-008613, BRA-008630, BRA-012912, BRA-012939 e a *B.brizantha* BRA-004391 (85 dias). Dentre aqueles que atingiram mais tardiamente o pico da colheita das sementes (cinco maiores médias 173-194 dias), destacaram-se os genótipos BRA-005819, BRA-009415, BRA-010537 (173 dias), a *B.brizantha* BRA-003441 (183 dias) e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (194 dias) (Tabela 5-A).

Mantida a regularidade entre as fases fenológicas, constatou-se novamente que os genótipos que tiveram comportamento extremo quanto a data ou tempo para o início da emissão e da colheita das inflorescências, foram os mesmos que se destacaram quanto ao pico da colheita (Tabela 5-A).

4.3.2.B.III. Final da Colheita

A colheita das sementes ocorreu até 170 ± 21 dias (média \pm desvio padrão) nos genótipos de *Paspalum* spp., com diferença significativa ($P < 0,01$) da média registrada pelos genótipos dos demais gêneros (198 ± 22 dias). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca, com 180 dias, não diferiu ($P > 0,05$) da média dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 5-A, Figura 24). A amplitude de variação foi

maior em *Paspalum* spp. (125 a 210 dias) do que a registrada nos demais genótipos (159 a 227 dias), desta vez ampliada pelo comportamento da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (Tabelas 4-A, Tabela 5-A, Figura 24).

Destacaram-se pelo rápido alcance do final do período de colheita (menores médias: 125 a 137 dias), os genótipos de *Paspalum* spp. BRA-008630, BRA-012700, BRA-012939, BRA-013927 e V-11884. Os genótipos BRA-005819, BRA-008940, BRA-009415, BRA-012581, a *B.brizantha* BRA-003441, a *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (225 dias) e a *B.brizantha* BRA-004391 destacaram-se dentre aqueles que tiveram o término tardio da colheita das sementes (cinco maiores médias 199-225 dias). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca teve a colheita de suas sementes findada 180 dias após o corte de uniformização (Tabela 5-A).

4.3.2.B.IV. Duração e intervalos entre fases fenológicas

Na Figura 25 tem-se o perfil dos genótipos sobreviventes da coleção para os diversos intervalos entre eventos fenológicos reprodutivos. Além da época em que estes eventos ocorrem, outras informações para melhor avaliação da coleção e aperfeiçoamento do manejo podem ser extraídas da análise da duração e do distanciamento dos limites dos eventos.

Para os intervalos apresentados na Figura 25, foi verificado efeito significativo ($P < 0,05$) para genótipos, exceto para o intervalo entre o pico da emissão das inflorescências e o pico da colheita das sementes (PEPC) (Tabela 4-A).

No contraste entre a média dos genótipos de *Paspalum* spp. e a média das demais gramíneas testemunhas também foram apontadas diferenças significativas ($P < 0,05$) (Tabela 4-A), exceto para o intervalo entre o pico da emissão e o pico da colheita (PEPC) e para o intervalo entre o início da colheita e o pico da colheita (ICPC).

A depender do intervalo considerado, pequenas e grandes amplitudes de variação foram registradas na coleção. Obviamente, as maiores amplitudes foram nos intervalos entre o início e o final da emissão ou da colheita (IEFE e ICFC). O IEFE variou de 28 a 134 dias em *Paspalum* spp., enquanto que o ICFC variou de 23 a 127 dias (Figura 25, Tabela 4-A).

Em termos relativos, a dispersão de valores (desvio padrão ou coeficiente de variação) em torno da média geral da coleção para os intervalos entre as fases fenológicas foi alta, indicando grande variabilidade.

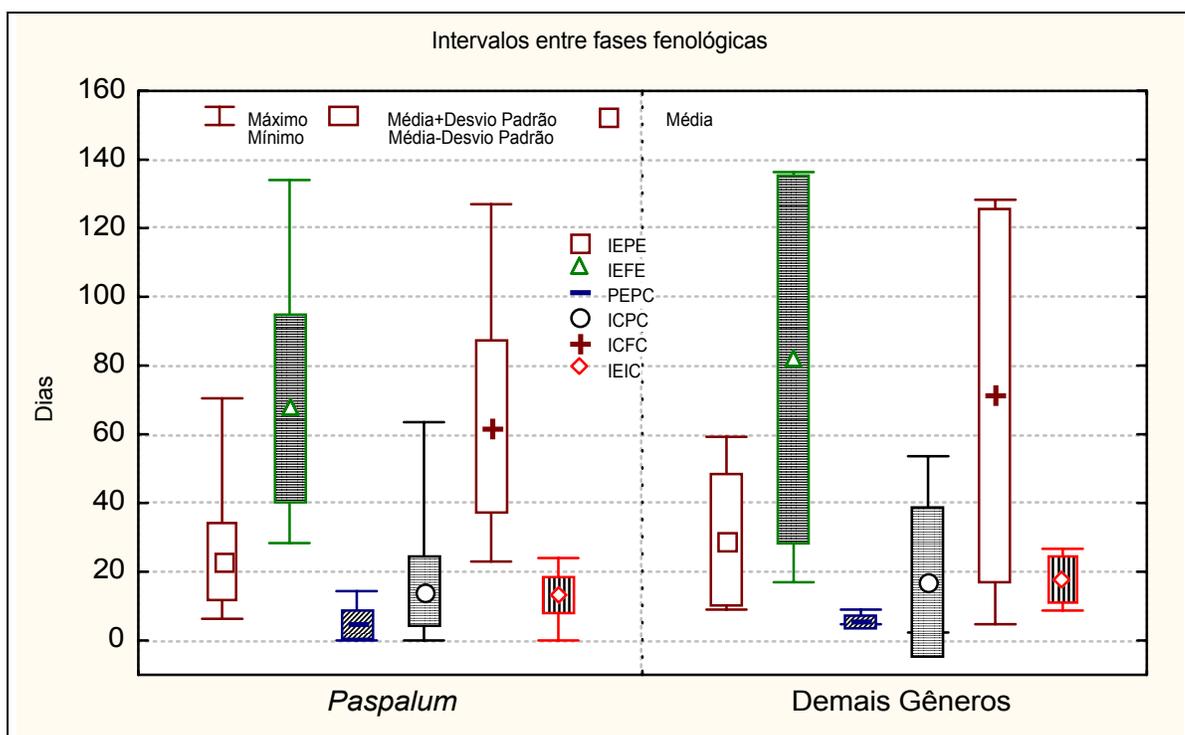


Figura 25. Intervalo (dias) entre fases fenológicas reprodutivas em genótipos de *Paspalum* spp. (N=40) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) que sobreviveram quando avaliados sob regime de cortes num ambiente dos Cerrados. Observação: tratam-se de intervalos e não há necessária coincidência cronológica.

Os baixos valores de PEPC (5-6 dias) não significam necessariamente rápida maturação das sementes. A época do pico da colheita de sementes maduras reflete o tempo de maturação para as sementes produzidas no período entre o início da emissão e o pico da emissão (IEPE), o qual apresentou valores médios de 23-29 dias com amplitudes de 6 a 71 dias (Tabela 5-A, Figura 25).

Vale destacar que intervalos com os mesmos valores não indicam que os eventos estão iniciando e terminando na mesma cronologia, mas tão somente a sua duração que é similar.

O intervalo entre o início da emissão e o início da colheita (IEIC) e, principalmente, o intervalo entre o início e o final da colheita (ICFC) podem ser apontados como os mais importantes para fins de manejo e viabilização da colheita das sementes, nos casos de genótipos cuja colheita ocorrerá manualmente ou mecanicamente a partir do recolhimento das hastes reprodutivas e não por varredura. A colheita das sementes nesta coleção deve ser feita predominantemente a partir do recolhimento da haste reprodutiva com sementes maduras, uma vez que tratam-se de plantas cespitosas, algumas de porte alto e com hastes de grande calibre.

O intervalo IEIC foi bastante curto (14 ± 6 dias) na coleção, indicando a necessidade de monitoramento frequente da passagem das plantas para a fase reprodutiva e a necessidade de logística para rápido início da colheita concentrada das sementes.

Já o intervalo ICFC (63 ± 29 dias), que define a extensão do período de maturação e colheita das sementes, se muito longo pode inviabilizar a produção de sementes pois o recolhimento das sementes ocorreria de forma fragmentada e prolongada. Com isso, estaria exposta a maiores fatores de risco que podem afetar o rendimento de sementes.

Na Figura 26 é ilustrada a localização e a extensão dos eventos fenológicos nos genótipos sobreviventes. Há genótipos precoces e intermediários com pequena ou grande duração das fases ou intervalos entre fases fenológicas. Todavia, os

genótipos de ciclo mais tardio tenderam à apresentar menor duração das fases fenológicas avaliadas.

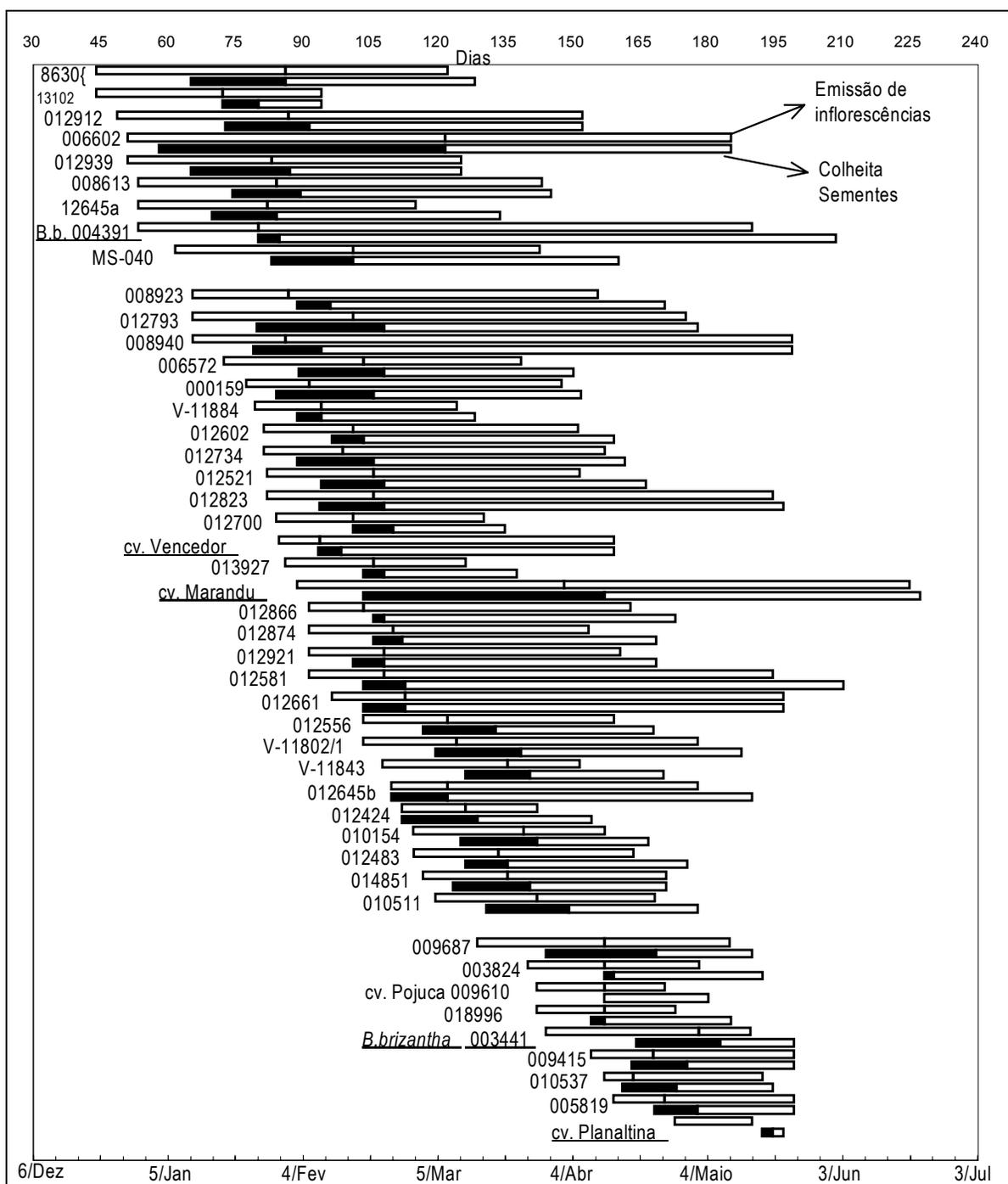


Figura 26. Época (data e dia), limites (início, pico e final) e duração de fases fenológicas reprodutivas (emissão de inflorescências e colheita de sementes) em genótipos de *Paspalum* spp. (normal) e de gramíneas de outros gêneros (sublinhado) cultivados num ambiente dos Cerrados. Planaltina-DF. Pico do evento definido pelo segmento da barra. Genótipos identificados pelo N° BRA ou coletor. Coletores: V = J.F.M. Valls; MS=M.S. França-Dantas.

4.3.2.B.V. Caracterização do pico da emissão e do pico da colheita das sementes

A localização do pico da emissão ou do pico da colheita de sementes maduras foi determinada a partir do máximo percentual de inflorescências emitidas ou colhidas numa dada semana, respectivamente. Para estes eventos, a depender do perfil e propósito da exploração da cultura (semente, forragem, semente e forragem, colheita manual, colheita mecanizada, uso nas águas, uso na seca etc.), é desejável ou não que eles estejam bem caracterizados a partir de altas taxas de emissão e de colheita (concentração) numa dada semana (época). Este fato novamente reveste-se de maior importância para a colheita das sementes, se efetuada a partir das hastas reprodutivas e não por varredura.

Para a fase de emissão, verificou-se que em média $25 \pm 7\%$ das inflorescências emitidas durante toda a fase reprodutiva eram emitidas numa única semana (Tabela 27), com amplitude de 10 a 44%. Todavia, nove genótipos apresentaram valores igual ou abaixo de 18% (média menos um desvio padrão), indicando, provavelmente, baixo sincronismo no perfilhamento ou comportamento reprodutivo errático. No cv. Marandu, o pico da emissão de inflorescências foi caracterizado com 10% do total de inflorescências emitidas numa semana (Tabela 27), indicando que a emissão ocorreu de forma esparsa ou bem distribuída (Figura 26), o que nem sempre é desejável. Entre os genótipos de *Paspalum*, o menor valor (14%) foi registrado por BRA-008923, BRA-012581, BRA-012661 e BRA-012823. Os genótipos com maior concentração da emissão de inflorescências foram *Paspalum* sp. BRA-003824, BRA-006572, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-012700, BRA-013927, BRA-018996, MS-040 e V-11884 (Tabela 27) cujos valores situaram-se entre 32 e 44% (Pojuca).

No pico da colheita das sementes registrou-se média de $39 \pm 15\%$ das hastas reprodutivas de toda a fase reprodutiva sendo colhidas numa única semana (Tabela 27), com amplitude de 17 a 75%. Os genótipos com menores médias para

a concentração da colheita foram praticamente os mesmos com baixa concentração na

Tabela 27. Valores máximos da porcentagem (em relação ao total) de inflorescências emitidas ou colhidas semanalmente, porcentagem de inflorescências com degrana e porcentagem de sementes puras numa coleção de genótipos de *Paspalum* spp. (normal) e de gramíneas de outros gêneros (**negrito**) avaliada num ambiente dos Cerrados. Planaltina-DF. Período das avaliações semanais: dezembro de 1995 a junho de 1996. Genótipos N° BRA (normal) ou N° de coleta (sublinhado). Coletores: V= J.F.M. Valls; MS= M.S. França-Dantas. Valores em negrito identificam as dez maiores médias.

Genótipo	Emissão Inflorescências (Máxima % do total/Semana)	Colheita Sementes (Máxima % do total/Semana)	% Degrana (dez/95 a jun/96)	% Sementes Puras
000159	27	30	0	50
003824	33	48	0	52
005819	25	27	0	39
006572	32	66	0	46
006602	13	22	0	28
008613	24	42	3,9	25
008630	25	51	6,1	17
008923	14	20	10,7	57
008940	21	31	0	47
009415	25	28	0	46
cv. Pojuca 009610	44	68	0	55
009687	25	35	1,8	34
010154	25	35	0	87
010511	26	30	0	32
010537	28	39	0	41
012424	23	34	0	8
012483	18	32	0	37
012521	28	58	1,6	25
012556	28	56	9,8	32
012581	14	18	2,2	29
012602	30	35	6,1	31
12645a	25	35	10,5	15
12645b	20	42	0	18
012661	14	20	0	35
012700	32	64	13,5	37
012734	19	23	0	40
012793	21	33	0	15
012823	14	22	0	34
012866	26	42	1,4	48
012874	18	24	0	35
012912	21	35	2,5	24
012921	30	44	0	29
012939	23	43	4,5	24
013927	32	65	10,9	41
014851	24	29	20,2	39
018996	39	69	0	70
<u>MS-040</u>	33	43	5	47
<u>V-11802/1</u>	18	30	7	29
<u>V-11843</u>	21	43	0	53
<u>V-11884</u>	37	52	0	15
B.b. cv. Marandu	10	17	0	21
B.brizantha 003441	29	41	0	35
B.brizantha 004391	22	32	3,2	27
P.m. cv. Vencedor	21	25	0	14
A.g. cv. Planaltina	27	75	0	49
Média	25	39	2,7	36
Mínimo - Máximo	10 - 44	17 - 75	0 - 20,2	8 - 87
Percentil 25% - 75 %	21 - 28	29 - 44	0 - 3,9	25 - 46
Desvio Padrão	7	15	4,5	15

emissão de inflorescências. Novamente a *Brachiaria brizantha* cv. Marandu foi o genótipo que apresentou menor concentração da colheita de sementes. Em *Paspalum* spp., o menor valor (18%) foi registrado no genótipo BRA-012581.

Os genótipos com maior concentração da colheita de sementes foram *Paspalum* sp. BRA-006572, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-012521, BRA-012556, BRA-012602, BRA-012700, BRA-013927, BRA-018996 e o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (Tabela 27), cujos valores situaram-se entre 54 e 75% (Pojuca). Em geral, os genótipos cuja colheita de sementes foi mais concentrada também tiveram a emissão de inflorescências ocorrendo de forma concentrada (Tabela 27).

A colheita concentrada favorece quando há logística para execução e não existem grandes áreas a serem colhidas ou não há fatores de risco para a degrana. Uma baixa concentração da maturação, por sua vez, implicará baixo rendimento numa colheita mecanizada das hastes reprodutivas

Com o início da emissão das inflorescências fica caracterizada, externamente, a passagem do perfilho da fase vegetativa para a fase reprodutiva a qual está associada com a perda de valor nutritivo da forragem e à expectativa da produção de sementes nas áreas com este propósito. Com base nas fases fenológicas reprodutivas, verificou-se ampla variação com relação aos limites e à duração do período de emissão das inflorescências e de colheita das inflorescências, com a possibilidade de inclusão dos genótipos para compor diversos sistemas de produção. Neste contexto, tem-se verificado que a longa duração das fases fenológicas reprodutivas leva a pastagem a uma condição mais complexa para fins de manejo e utilização.

Pelo critério de enquadramento dos genótipos quanto ao ciclo reprodutivo apresentado em Pizarro & Carvalho (1992) (precoces < 30 dias, intermediários 30-60 dias, tardios >60 dias para o florescimento), constatou-se que entre os genótipos sobreviventes da coleção, a quase totalidade é de ciclo tardio, ao contrário das coleção com 42 genótipos avaliada no mesmo local, na qual 60 % e 32 % dos genótipos eram de ciclo precoce e intermediário, respectivamente em

(Pizarro & Carvalho,1992). Talvez a alta mortalidade de genótipos registrada neste experimento tenha incidido em maior parte nos genótipos de ciclo precoce e intermediário, daí a prevalência do ciclo tardio.

Pela observação da representação gráfica dos períodos de emissão de inflorescências e colheita das sementes (Figura 26), verificou-se que é possível proceder uma estratificação dentre os tardios. O ideal seria que o enquadramento dos genótipos em precoces, intermediários e tardios fosse com base no pico da emissão das inflorescências e não com base no início do florescimento. Entretanto, a densidade de inflorescências para essa caracterização é desconhecida e variável de acordo com o ambiente e a condição da pastagem, demandando monitoramento durante todo o ciclo reprodutivo para a sua definição. Assim, adotou-se a proximidade do início da estação seca ou do final da estação chuvosa para caracterização dos genótipos como tardios, sendo o *Andropogon gayanus* cv. Planaltina uma das principais referências para a coleção ora avaliada.

A fase reprodutiva é considerada um evento chave na exploração das plantas forrageiras. Há a suspensão da emissão de novas folhas nos perfilhos que emitiram a haste floral e a produção de forragem tende a se estabilizar. Daí não serem desejáveis genótipos precoces para a produção de forragem ou com prolongado período de emissão e maturação das inflorescências. Pois quando os fatores ambientais ainda são favoráveis ao crescimento (água e temperatura), a pastagem encontra-se com baixo valor nutritivo e baixa taxa de acúmulo até que ocorra a sucessão dos perfilhos reprodutivos por uma geração de perfilhos vegetativos. Esse comportamento é crítico e não desejável para pastagens que serão exploradas mais intensamente na estação chuvosa, assim como para pastagens cultivadas em regiões em que o pastejo necessita ser diferido com muita antecedência. Também reveste-se de importância quando a passagem para a fase reprodutiva vem acompanhada de grande perda na estrutura da pastagem, dificultando o aproveitamento da forragem sob pastejo, o que é frequente em plantas cespitosas de grande porte manejadas lenientemente.

Por outro lado, plantas de ciclo mais tardio permitem o prolongamento da sua utilização na estação de crescimento e podem ainda ser utilizadas para acúmulo de forragem no final da estação chuvosa, para uso na estação seca. Para o aproveitamento da forragem na seca, a passagem para a fase reprodutiva não deve estar associada a grandes perdas na qualidade da forragem e na estrutura da pastagem como ocorre, por exemplo, em *Andropogon gayanus* cv. Planaltina.

A avaliação desta coleção tendeu a favorecer os genótipos tardios e de maior porte, pois fundamentou-se na produção de forragem com longo período de crescimento livre. Assim, os genótipos mais produtivos, via de regra, são os mais tardios e de maior porte. O porte da planta, por sua vez, mantém relação próxima com a perda da estrutura da pastagem que tende a ser maior nas plantas de porte alto que, em geral, apresentam hastes maiores e de maior diâmetro.

A presença de hastes mais finas e com relação folha/haste alta, bem como a sucessão de gerações de perfilhos, servem de atenuantes quando se tem a passagem para a fase reprodutiva, pois as perdas na estrutura ou na condição da pastagem são menores, a exemplo do que ocorreu com a *Brachiaria brizantha* cv. Marandu com longo período em fase reprodutiva. Contudo, para a Região dos Cerrados esse cultivar constitui a principal referência como planta forrageira versátil, pois contribui com a oferta de forragem na estação chuvosa e na estação seca com ou sem a prática do diferimento.

Para os genótipos apontados como destaques para a produção e valor nutritivo da forragem, as informações fenológicas apresentadas representam apenas o início do detalhamento para definição da melhor inserção dos mesmos nos sistemas agrícolas, uma vez que nesse experimento não se estabeleceu a relação entre o comportamento reprodutivo com desfolhas mais frequentes, e nem a associação entre porte, diâmetro e relação folha/haste dos perfilhos. Estas questões apontadas assumem maior relevância porque em *Paspalum* spp. o valor nutritivo da forragem foi crítico para muitos dos genótipos avaliados, o que limita a

eficiência de utilização da forragem produzida e a conversão da forragem consumida.

Para a produção de sementes, o prolongado período de emissão de inflorescências não é desejável pois estará associado a um prolongado período de maturação, com fragmentação da disponibilidade de sementes maduras, podendo inviabilizar a produção de sementes quando é feita a colheita das hastes de forma mecanizada e não por varredura, pois no pico da colheita a disponibilidade de sementes maduras seria baixa. Na coleção avaliada, muitos genótipos de *Paspalum* spp. não terão a colheita de sementes por varredura por conta do hábito de crescimento cespitoso, hastes grossas ou de grande porte.

O comportamento tardio também pode ser crítico para a produção de sementes, pois a exposição às baixas temperaturas e à seca podem afetar o desenvolvimento das sementes (Humphreys & Riveros, 1986).

A época de colheita das sementes tem relação direta com a época de emissão das inflorescências. Nessa coleção houve uma grande proximidade entre o início e o pico da emissão com o início e o pico da colheita, respectivamente. Também observou-se que o intervalo entre o início da emissão e o início da colheita foi bastante reduzido (em média 14 dias) demandando acompanhamento frequente do transcorrer na fase reprodutiva, bem como a disponibilidade de aparato para o rápido início da colheita das sementes, principalmente quando concentrada. Contudo, em vários genótipos a colheita das sementes não ocorreu de forma tão concentrada, indicando que o ideal seria a colheita por varredura, a qual é inviável para muitos dos genótipos por conta dos seu porte e hábito de crescimento. No entanto, à medida que o ciclo fenológico é mais tardio verificou-se que a duração dos períodos de emissão das inflorescências e de colheita (principalmente) das sementes diminuem. Talvez pela própria condição do clima que é restritiva, antecipando ou acelerando o final da maturação das sementes, concentrando a fase fenológica.

A depender do regime hídrico e do modo de colheita das sementes, a época da colheita pode ser crítica para o rendimento de sementes. Uma vez que

poderá significar a exposição aos riscos climáticos que ocasionam degrana ou impedem a entrada de máquinas na área. O ideal seria dispor de condições climáticas bem distintas nas fases fenológicas: chuvosa na emissão e desenvolvimento da semente e seca para maturação e colheita das sementes, por questões de qualidade, sanidade e menores riscos com a colheita.

Os genótipos sugeridos pela análise de agrupamentos para prosseguirem no programa de seleção apresentaram comportamento mais tardio (>90 dias, exceto BRA-012645A <60 dias) e, conseqüentemente, tiveram menor período de maturação e colheita das sementes o que, em geral, favorece o rendimento da colheita mecanizada das hastes com sementes maduras.

4.3.2.C. Produção de sementes

O genótipo de *Paspalum* BRA-009652 não produziu sementes no ambiente do experimento, pois não apresentou florescimento.

4.3.2.C.I. Sementes colhidas (SEMCOL) - Produção colhida de espiguetas e cariópses ou de sementes aparentes

A produção de espiguetas e cariópses (variável SEMCOL – sementes colhidas) foi avaliada e apresentada porque ela pode exprimir ou dar uma noção do esforço reprodutivo dos genótipos, uma vez que vários genótipos apresentaram intenso florescimento e, no entanto, as produções de sementes puras foram baixas. Com isso, espera-se discriminar na coleção os genótipos que produzem pouca semente, por conta de aspectos intrínsecos à sua natureza, daqueles que sinalizaram possuir potencial de produção, mas a produção foi baixa em decorrência de alguma influência ambiental ou de manejo, cujo desempenho

poderá ser melhorado se ofertada outra condição para o desenvolvimento das plantas.

Observou-se efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos para o total de sementes colhidas, bem como para as diferenças entre as médias dos genótipos de *Paspalum* e a média dos genótipos dos demais gêneros, e entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e a média dos demais *Paspalum* spp. (Tabela 4-A). A média registrada para *Paspalum* spp. e para os demais gêneros foi de 304 ± 245 kg/ha e de 841 ± 517 kg/ha (média \pm desvio padrão da coleção), respectivamente (Figura 27). Em *Paspalum* spp., SEMCOL variou de 38 (a rigor zero) a 1.077 kg/ha e nos demais genótipos variou de 35 a 1.580 kg/ha. As maiores colheitas (583 a 1.580 kg/ha) foram conseguidas pelo *Paspalum atratum* cv. Pojuca (583 kg/ha), BRA-012921 (629 kg/ha), BRA-012602 (589 kg/ha), BRA-012734 (1.077 kg/ha), BRA-012793 (906 kg/ha), BRA-012823 (597 kg/ha), na *B.brizantha* BRA-003441 (1.105 kg/ha), na *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (904 kg/ha), na *B.brizantha* BRA-004391 (582 kg/ha) e no *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (1.580 kg/ha). *Panicum maximum* cv. Vencedor, com produção de apenas 35 kg/ha, foi um dos que tiveram pior desempenho (Tabela 5-A) (Figura 27).

4.3.2.C.II. Produção de Sementes puras (SEMPURA)

Houve efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipo e da diferença entre *Paspalum* e os demais gêneros, assim como entre o *Paspalum atratum* cv. Pojuca e a média dos demais genótipos (Tabela 4-A, Apêndices).

A produção de sementes puras variou de 0 (BRA-009652) a 426 kg/ha (BRA-012734) enquanto que nos demais gêneros variou de 5 (cv. Vencedor) a 769 kg/ha (cv. Planaltina) (Tabela 5-A), com a menor média para *Paspalum* spp. (110 kg/ha versus 302 kg/ha). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca (319 kg/ha)

apresentou produção superior àquela dos demais genótipos de *Paspalum* spp. (Tabela 5-A).

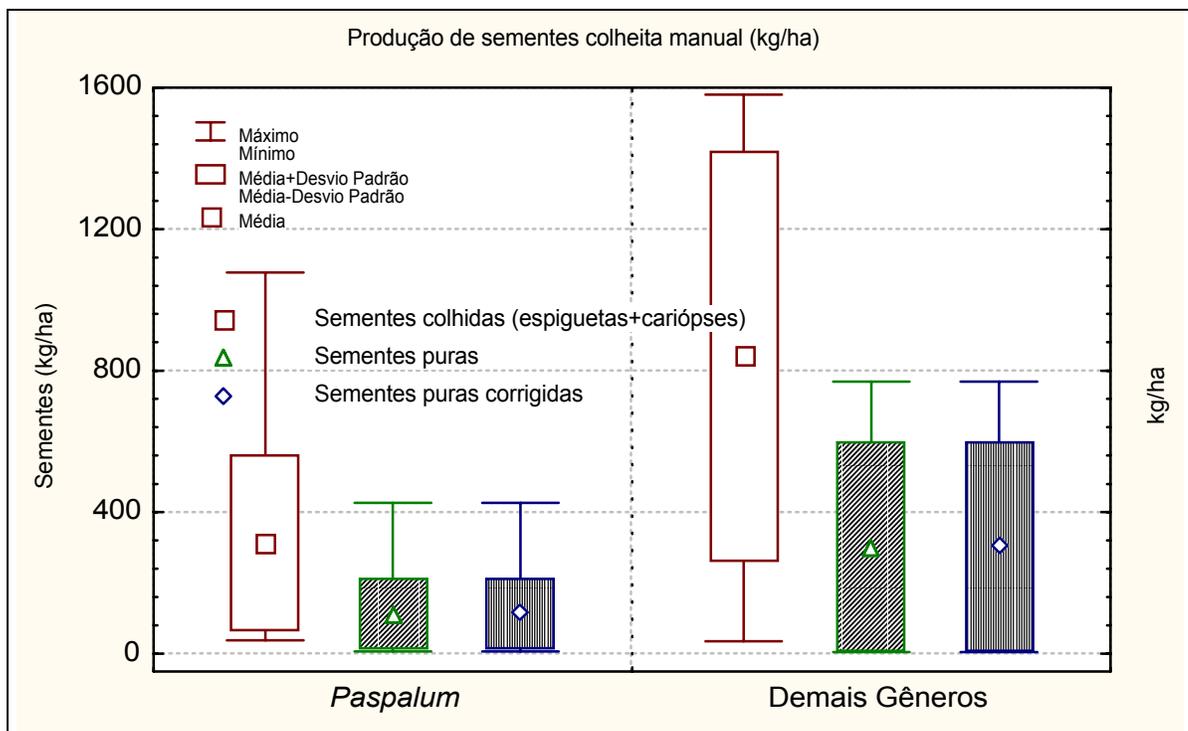


Figura 27. Sementes colhidas ou sementes aparentes (espiguetas + cariópses), sementes puras (cariópses) e sementes puras corrigidas (pela degrana) produzidas por genótipos de *Paspalum* spp. (N=40) e de outros gêneros (N=5; *Andropogon*, *Panicum* e *Brachiaria*) que persistiram Quando avaliados sob regime de cortes num ambiente dos Cerrados. Planaltina-DF.

Os destaques (dez maiores médias >193 kg/ha) foram *Paspalum* spp. BRA-003824, BRA-009610 (cv. Pojuca), BRA-012734, BRA-012823, BRA-013927, BRA-018996, MS-040, *B.brizantha* BRA-003441 e os cvs. Marandu e Planaltina.

Alguns genótipos que haviam despontado pela produção de espiguetas e cariópses (SEMCOL) ou sementes aparentes (BRA-012921, BRA-012793, BRA-012602, *B.brizantha* BRA-004391) não se mantiveram como destaques na produção de sementes puras, enquanto outros genótipos que haviam

proporcionado menor colheita total de espiguetas, apresentaram alta produção de sementes puras (BRA-013927, BRA-018996, MS-040) (Tabela 5-A).

Os genótipos apresentaram, em média, rendimento de 36% de sementes puras, em relação ao total de sementes colhidas (Tabela 27). Porém, com valores entre 8 e 87%. Os genótipos com pior rendimento foram *Paspalum* spp. BRA-008630, BRA-012424, BRA-012645A, BRA-012645B, BRA-012793, V-11884 e o *Panicum maximum* cv. Vencedor, os quais tiveram suas produções de sementes puras afetadas (Tabela 27), o que é crítico para os genótipos que têm como característica intrínseca a baixa produção de sementes.

4.3.2.C.III. Produção de sementes puras corrigidas pela degrana monitorada (SEMPURAC)

Mesmo com colheitas semanais das sementes, houve degrana a qual foi considerada para fins de correção e estimativa mais exata da capacidade de produção de sementes puras dos genótipos. Todavia, a degrana registrada ($2,7 \pm 4,5\%$) (média \pm desvio padrão) não foi de grande magnitude e restrita aos genótipos de *Paspalum* (Tabela 27). Apesar disso, foi prudente adotá-la como critério de correção, pois para alguns genótipos ela situou-se entre 10 e 20% (BRA-008923, BRA-012556, BRA-012645A, BRA-012700, BRA-013927 e BRA-014851 (20%).

Apesar da degrana ter sido expressiva (em termos relativos) no âmbito de alguns poucos genótipos, a média geral para *Paspalum* pouco variou quando se considerou a produção de sementes puras (110 kg/ha) ou a produção de sementes puras corrigidas (112 kg/ha) (Figura 27). Tanto que os genótipos que haviam se destacado em SEMPURA (item anterior - 4.3.C.II.), se mantiveram como destaque quanto à SEMPURAC, pois não sofreram degrana. À exceção da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (193 kg/ha) que deixou de figurar entre as 10 maiores médias, cedendo seu lugar, sem diferir estatisticamente ($P > 0,01$) para o

genótipo de *Paspalum* BRA-012602 que teve sua produção variando de 185 kg/ha para 194 kg/ha, com a correção da produção com base na degrana (Tabela 5-A).

As produções de sementes obtidas também não permitem maiores comparações com os resultados de cultivos experimentais específicos para este propósito ou cultivos comerciais. Na coleção a única referência dentro do gênero *Paspalum* é apenas o cv. Pojuca. Além disso, o espaçamento, o formato das parcelas (linhas simples) e a adubação, muito abaixo das adotadas em campos de produção de sementes, subestimam as produtividades. Também, as parcelas foram expostas a condições climáticas pouco abaixo da média durante esta fase do experimento. No entanto, a análise dentro da coleção é extremamente valiosa para relativizar as diferenças entre genótipos.

Paradoxalmente, ao comentado anteriormente, a produção de sementes no local do experimento pode ser considerada, do ponto de vista prático, superestimada para os genótipos, pois adotou-se a coleta total das sementes e grande parte da coleção de sobreviventes terá sua colheita de sementes a partir das hastes reprodutivas a qual se baseia na máxima disponibilidade de sementes maduras num dado momento, sendo a referência o pico da colheita. Nesta coleção, no pico da colheita das sementes de *Paspalum* spp., em uma semana recolheu-se 18 a 69% de todas as hastes produzidas que apresentavam com sementes maduras. Entre os genótipos apontados como destaques pela produção de forragem e pelos indicadores do valor nutritivo, estes valores variaram de 27 a 69%. Em geral, os genótipos com maior produção de sementes apresentaram uma alta concentração da emissão de inflorescências, bem como da colheita das sementes.

Outro ponto a ser considerado é que as baixas produções de sementes neste ambiente representarão, na prática, inexpressivos rendimentos na colheita. Todavia, embora seja desejável uma alta produção de sementes, o registro de baixos valores não necessariamente inviabiliza o prosseguimento dos genótipos no programa de seleção sem que se façam novas investigações. Pois o sítio ou

região em que serão instalados os campos de produção de sementes não serão necessariamente os mesmos onde se dará a exploração como planta forrageira (Humphreys & Riveros, 1986). Assim, uma outra região que não apresente restrições ou riscos relativos ao clima, solo, mão-de-obra e pragas ou doenças poderá viabilizar a oferta de sementes e a adoção de um genótipo como cultivar.

Na coleção, a produção colhida de cariópses e espiguetas (SEMCOL= sementes aparentes), após a depuração levou a um rendimento médio de sementes puras de 36%. Porém, com registros de baixos valores (8 a 17%). O genótipo BRA-012645A, apontado como um dos destaques pela análise de agrupamentos para a produção e valor nutritivo da forragem, apresentou apenas 15% de rendimento de sementes puras, apesar do mesmo ser dos mais precoces da coleção e provavelmente não tenha passado por restrições ambientais. Assim, apresentou potencial para a produção de sementes, mas com baixa eficiência na sua concretização.

Para os demais genótipos apontados como superiores, o rendimento de sementes puras foi elevado (29% para V-11802/1 e de 39 a 70% para os demais), conferindo eficiência para o esforço reprodutivo. Observações pessoais, sem registro, apontaram para a tendência dos genótipos com maior tamanho de semente apresentarem maior percentual de sementes puras nas sementes colhidas manualmente.

A produção de sementes puras corrigidas (SEMPURAC) com valor médio de 112 kg/ha para *Paspalum* spp., apresentou grande variabilidade com muitos dos genótipos evidenciando extrema adaptação ao sítio, com produções acima de 200 kg/ha. Na mesma localidade Pizarro & Carvalho (1992) relataram produções de sementes puras variando de 0 a 1.200 kg/ha.

Dentre os genótipos ora avaliados e considerados como superiores para a produção de forragem, a produção de sementes puras corrigidas variou de 26 kg/ha (BRA-014851) a 337 kg/ha (BRA-018996), com o *Paspalum atratum* cv. Pojuca produzindo 319 kg/ha. Na Tailândia, Hare et al. (1997) registraram para o mesmo cultivar produções variando de 100 a 230 kg/ha, dependendo do método

de colheita. Aperfeiçoamentos recentes (Hare et al., 2001) já permitiram alcançar rendimentos de sementes entre 630 e 650 kg/ha. Na Flórida, a colheita mecanizada de sementes do *Paspalum atratum* cv. Suerte, da mesma espécie que o cv. Pojuca, permitiu alcançar rendimentos de 120 kg/ha (Kalmbacher et al., 1997a), bem abaixo do registrado neste experimento por conta do tipo de colheita. Na colheita manual adotada neste trabalho, o rendimento tende a ser mais elevado.

Dentre os treze genótipos que se destacaram pela produção de forragem, oito apresentaram produção de SEMPURAC abaixo de 100 kg/ha e deverão ser avaliados em outros locais para identificar regiões mais aptas para abrigar as áreas de produção de sementes dos mesmos, caso venham a se destacar nos estágios mais avançados do programa de seleção, a exemplo do verificado atualmente com o *Panicum maximum* cv. Vencedor e mesmo com o *Paspalum atratum* cv. Pojuca (Mato Grosso).

A degrana ocorrida em alguns dos genótipos (variação de 0 a 20%) da coleção, atingiu quatro dos genótipos indicados para áreas de maior fertilidade inicial (12645A: 10,5%; BRA-013927: 10,9%; BRA-014851: 20,2%; V-11802/1: 7%). Exceto para o genótipo BRA-013927 (210 kg/ha de SEMPURAC), os demais que apresentaram degrana registraram produção de SEMPURAC abaixo de 40 kg/ha. Imagina-se que numa redefinição de local mais apropriado para a produção de sementes, mesmo que a degrana venha a ocorrer, a produtividade de sementes seja capaz de compensá-la. Levando-se em conta apenas os genótipos com maior produção de sementes na coleção, a degrana não os atingiu.

O fato dos resultados da produção de sementes puras terem sido obtidos em Planaltina-DF, abre a perspectiva de ampliação das produtividades, uma vez que neste local a estação seca apesar de bem definida é bastante severa quando comparada com outras regiões do Cerrado, podendo ser crítica para plantas tardias. Além disso, neste experimento foram praticadas fertilizações tidas como modestas, quando comparadas com as adotadas em plantios comerciais voltados exclusivamente para a produção de sementes.

A resistência à cortes baixos ou rentes ao solo deverá ser avaliada nos genótipos que se destacaram pela produção e valor nutritivo da forragem para consideração acerca da possibilidade da colheita de sementes ocorrer por varredura, que, em geral, elevaria o rendimento e a qualidade das sementes e eliminaria algumas das limitações de ordem fenológica que condicionam a eficiência da colheita mecanizada das sementes a partir das hastas reprodutivas.

4.3.3. Correlação entre variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes

Os coeficientes de correlação significativos ($P < 0,05$) apresentaram valores baixos ou intermediários, exceto para as variáveis cujas relações são óbvias (e.g. Início da colheita e Pico da colheita) (Tabela 28).

Para o total de sementes colhidas (SEMCOL) foi frequente a ausência de correlação com as demais variáveis, indicando complexidade em estabelecer a associação entre potencial (sentido estrito) de produção de sementes e data e duração de eventos fenológicos reprodutivos. O tempo para o início, pico ou final da colheita guardou relação ($r = 0,20$) com SEMCOL, o mesmo não ocorrendo quando considerado o início da emissão (IEI). (Tabela 28).

Várias correlações significativas ($P < 0,05$), em grande parte de baixa magnitude, foram estabelecidas entre as variáveis SEMPURA ou SEMPURAC e as demais variáveis. Vale destacar a associação positiva entre a produção de sementes (puras e a corrigida pela degrana) com o tempo de início (IEI: $r = 0,34$) e pico da emissão (PEI: $r = 0,36$) das inflorescências, a qual também se manteve com o tempo para o início (IC: $r = 0,38$) e o pico da colheita (PC: $r = 0,33$) (Tabela 28). Sendo, no entanto, não significativa ($P > 0,05$) quando considerado o tempo para o final da emissão das sementes (FEI $r = 0,17$). Assim, tendo como referenciais o início e o pico para emissão ou colheita, o comportamento tardio não guardou associação com baixa produção de sementes. Todavia, a duração

do período de emissão (IEFE) e a duração do período de colheita (ICFC) estiveram correlacionados negativamente ($P < 0,05$) com a produção de sementes ($r = -0,25$).

Tabela 28. Matriz de coeficientes de correlação linear simples (r - Pearson) e probabilidades ($H_0: r = 0$) entre variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes numa coleção de *Paspalum* spp. (N=40) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) que persistiram numa avaliação sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores de r não significativos ($P > 0,05$) estão em negrito.

Variáveis (N=123)	SEMCOL	SEMPURA	SEMPURAC	IEI	PEI	FEI	IC	PC	FC	IEPE	IEFE	IEIC	PEPC	ICPC	ICFC
SEMCOL	1,00	0,87	0,87	0,15	0,22	0,20	0,20	0,20	0,20	0,09	0,00	0,18	-0,04	-0,03	-0,05
Sementes colhidas (espiguetas+cariópses)	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,089	p=0,016	p=0,027	p=0,023	p=0,025	p=0,027	p=0,297	p=0,983	p=0,048	p=0,657	p=0,775	p=0,580
SEMPURA	0,87	1,00	1,00	0,34	0,36	0,17	0,38	0,33	0,19	-0,05	-0,22	0,12	-0,08	-0,14	-0,25
Sementes Puras (cariópses)	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,060	p=0,001	p=0,001	p=0,032	p=0,588	p=0,014	p=0,205	p=0,409	p=0,119	p=0,006
SEMPURAC	0,87	1,00	1,00	0,34	0,36	0,17	0,38	0,33	0,19	-0,06	-0,22	0,11	-0,07	-0,14	-0,25
Sementes Puras corrigidas pela degrana	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,065	p=0,001	p=0,001	p=0,037	p=0,539	p=0,013	p=0,221	p=0,433	p=0,113	p=0,005
IEI	0,15	0,34	0,34	1,00	0,91	0,48	0,97	0,90	0,48	-0,47	-0,67	-0,28	0,07	-0,26	-0,64
Início do período de emissão de inflorescências	p=0,089	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,002	p=0,435	p=0,004	p=0,001
PEI	0,22	0,36	0,36	0,91	1,00	0,57	0,91	0,98	0,57	-0,07	-0,51	-0,15	0,08	0,05	-0,50
Pico da emissão de inflorescências	p=0,016	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,455	p=0,001	p=0,096	p=0,394	p=0,572	p=0,001
FEI	0,20	0,17	0,17	0,48	0,57	1,00	0,46	0,58	0,93	0,06	0,33	-0,14	0,15	0,20	0,30
Final do período de emissão de inflorescências	p=0,027	p=0,060	p=0,065	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,507	p=0,001	p=0,110	p=0,098	p=0,027	p=0,001
IC	0,20	0,38	0,38	0,97	0,91	0,46	1,00	0,90	0,48	-0,40	-0,66	-0,04	0,07	-0,32	-0,67
Início da colheita das sementes	p=0,023	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,629	p=0,457	p=0,001	p=0,001
PC	0,20	0,33	0,33	0,90	0,98	0,58	0,90	1,00	0,57	-0,07	-0,48	-0,15	0,27	0,14	-0,48
Pico da colheita de sementes	p=0,025	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,464	p=0,001	p=0,097	p=0,002	p=0,136	p=0,001
FC	0,20	0,19	0,19	0,48	0,57	0,93	0,48	0,57	1,00	0,06	0,27	-0,07	0,12	0,15	0,33
Final do período de colheita de sementes	p=0,027	p=0,032	p=0,037	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,482	p=0,002	p=0,416	p=0,201	p=0,098	p=0,001
IEPE	0,09	-0,05	-0,06	-0,47	-0,07	0,06	-0,40	-0,07	0,06	1,00	0,55	0,36	-0,01	0,74	0,48
Intervalo entre o início e o pico da emissão de inflorescência	p=0,297	p=0,588	p=0,539	p=0,001	p=0,455	p=0,507	p=0,001	p=0,464	p=0,482	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,952	p=0,001	p=0,001
IEFE	0,00	-0,22	-0,22	-0,67	-0,51	0,33	-0,66	-0,48	0,27	0,55	1,00	0,18	0,05	0,44	0,94
Intervalo entre o início e o final da emissão de inflorescências	p=0,983	p=0,014	p=0,013	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,002	p=0,001	p= ---	p=0,048	p=0,586	p=0,001	p=0,001
IEIC	0,18	0,12	0,11	-0,28	-0,15	-0,14	-0,04	-0,15	-0,07	0,36	0,18	1,00	-0,03	-0,22	-0,02
Intervalo entre o início da emissão e o início da colheita	p=0,048	p=0,205	p=0,221	p=0,002	p=0,096	p=0,110	p=0,629	p=0,097	p=0,416	p=0,001	p=0,048	p= ---	p=0,784	p=0,014	p=0,865
PEPC	-0,04	-0,08	-0,07	0,07	0,08	0,15	0,07	0,27	0,12	-0,01	0,05	-0,03	1,00	0,43	0,03
Intervalo entre o pico da emissão e o pico da colheita	p=0,657	p=0,409	p=0,433	p=0,435	p=0,394	p=0,098	p=0,457	p=0,002	p=0,201	p=0,952	p=0,586	p=0,784	p= ---	p=0,001	p=0,777
ICPC	-0,03	-0,14	-0,14	-0,26	0,05	0,20	-0,32	0,14	0,15	0,74	0,44	-0,22	0,43	1,00	0,47
Intervalo entre o início e o pico da colheita das sementes	p=0,775	p=0,119	p=0,113	p=0,004	p=0,572	p=0,027	p=0,001	p=0,136	p=0,098	p=0,001	p=0,001	p=0,014	p=0,001	p= ---	p=0,001
ICFC	-0,05	-0,25	-0,25	-0,64	-0,50	0,30	-0,67	-0,48	0,33	0,48	0,94	-0,02	0,03	0,47	1,00
Intervalo entre o início e o final da colheita das sementes	p=0,580	p=0,006	p=0,005	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,865	p=0,777	p=0,001	p= ---

Apesar de muito baixos, os coeficientes indicaram que o prolongamento destes períodos pode afetar negativamente a produção de sementes, mesmo nesta situação em que efetuou-se coleta total das sementes produzidas no período.

Um outro ponto de destaque é a correlação negativa ($P < 0,05$) entre o tempo para o início da emissão das inflorescências (IEI) e a duração do período de emissão (IEFE: $r = -0,67$) ou de colheita das sementes (ICFC: $r = -0,64$), ou ainda com o intervalo até o pico da emissão (IEPE: $r = -0,47$). O mesmo comportamento associativo negativo ($P < 0,05$), com pequenas diferenças na magnitude, foi observado quando considerada a relação entre o pico da emissão (PEI) ou o pico da colheita (PC) com a duração do período de emissão (IEFE) ou de colheita das sementes (ICFC) (Tabela 28).

Nesta coleção quanto maior o intervalo IEFE, maior o intervalo ICFC ($r = 0,94$).

A correlação entre a produção de sementes (SEMPURA ou SEMPURAC) e o início ou pico da emissão ou da colheita de inflorescências foi positiva, apesar dos genótipos avaliados poderem ser considerados tardios o que poderia afetar negativamente a produção de sementes por conta de restrições climáticas. Essa mesma associação direta entre o aumento do rendimento de sementes e o início tardio do ciclo fenológico também foi registrada por Carvalho & Pizarro (1993) em *Paspalum* spp.. Talvez pelo fato da colheita das sementes ter sido feita do início ao final do período de maturação das sementes (ponta a ponta) e não somente no pico da colheita, tal comportamento tenha se verificado. No entanto, mesmo com a colheita manual em todo o período experimental, registrou-se correlação negativa entre a duração do período de colheita e a produção de sementes.

Essas correlações reiteraram aspectos apresentados em itens anteriores, tais como a melhor definição dos períodos de emissão e colheita verificada nos genótipos tardios e que a produção de sementes foi afetada por longos períodos de emissão de inflorescências ou de colheita de sementes.

4.3.4. Análise de componentes principais

Na Tabela 29 é apresentado o perfil dos componentes principais (CP's) extraídos com base em variáveis selecionadas ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes.

A extração de dois, três, ou quatro CP's para o conjunto das variáveis da coleção permitiu que a variância fenotípica fosse explicada, respectivamente, em 62,0%, 81,8% e 96,9% da total (Tabela 29). Com base no critério de que cada CP deve exprimir no mínimo a variância unitária, observou-se que três CP's seriam suficientes para sintetizar a variabilidade fenotípica da coleção, ao passo que seriam necessários quatro CP's se considerado como critério a análise da tendência de estabilização dos incrementos da variância acumulada (Figura 28).

Felizmente, com apenas dois CP's já seria alcançado o limite de 80%, quase sempre aplicado para situações em que a variabilidade é de difícil expressão com poucos CP's. Para ampliar a síntese e a representatividade quase que integral da variabilidade fenotípica da coleção, três CP's (96,9%) foram considerados, superando com bastante folga o valor limite de 80%. Concorreram para este comportamento, o menor número de variáveis consideradas na análise (8) e as altas correlações entre algumas delas, favorecendo a cobertura da variabilidade fenotípica da coleção, a qual estava diminuída em relação a originalmente reunida, por causa da mortalidade dos genótipos.

Com base nos coeficientes dos autovetores (Tabela 29) e nos coeficientes de correlação das variáveis com os CP's (Tabela 30), na representação da variabilidade fenotípica da coleção pelos três primeiros CP's, prevaleceram as contribuições das variáveis discriminadas a seguir, nas respectivas ordens:

Tabela 29. Variância fenotípica (autovalores ou raízes características ou latentes) explicada em sucessivos componentes principais (CP's) e coeficientes dos autovetores para variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes registradas numa coleção de *Paspalum* spp. (N=40) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) que persistiram após avaliação sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados.

	Componentes Principais (CP)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
Autovalor (Variância)*	4,959	1,584	1,210	<u>0,132</u>	0,067	0,030	0,012	0,006
Variância (% do total)	61,984	19,806	15,122	1,645	0,838	0,380	0,149	0,077
Variância Acumulada (% do total)	61,98	<u>81,79</u>	<u>96,91</u>	98,56	99,39	99,775	99,923	100,000

Variáveis - Nome (ordem preferencial de exclusão)	Coeficientes dos autovetores (=equações lineares múltiplas para cada CP)							
Sementes Colhidas (produtividade) - SEMCOL	0,082	0,554	0,137	0,855	2,288	-0,558	0,144	-0,010
Sementes Puras corrigidas - SEMPURAC (4)	0,111	0,511	-0,030	-0,906	-2,437	0,756	0,121	-0,416
Início Emissão Inflorescências - IEI	0,184	-0,101	-0,273	-1,050	1,246	1,390	5,424	-3,333
Pico da emissão inflorescências- PEI	0,191	-0,086	-0,178	1,295	-0,879	-0,703	3,014	7,801
Final da Emissão inflorescências- FEI (3)	0,141	-0,129	0,557	0,054	0,166	3,833	-1,404	2,122
Início da colheita sementes- IC (2)	0,187	-0,064	-0,265	-1,091	0,917	-0,984	-5,814	3,856
Pico da Colheita sementes -PC (1) (5)	0,191	-0,103	-0,162	1,327	-0,675	0,117	-2,762	-8,245
Final da Colheita sementes- FC	0,145	-0,120	0,542	-0,561	-0,300	-3,731	1,459	-1,889

* Autovalores em negrito e sublinhado indicam limites para o número de CP's ou para o descarte de variáveis. Valores de coeficientes emoldurados indicam as variáveis de maior importância nos CP's com maior expressão da variância fenotípica. Valores em negrito e itálico indicam as variáveis passíveis de exclusão pela baixa explicação da variabilidade fenotípica da coleção e/ou por serem redundantes. Os algarismos entre parênteses ao lado do código das variáveis indicam a ordem preferencial de exclusão, no caso de descarte de variáveis.

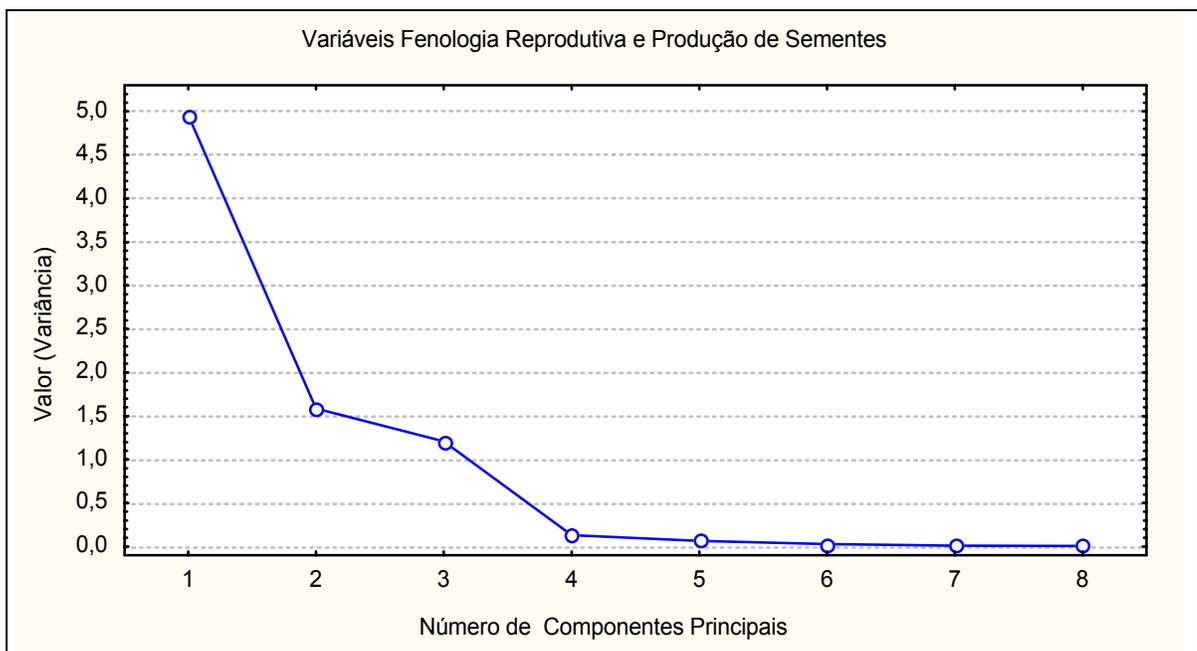


Figura 28. Variância fenotípica explicada por sucessivos componentes principais para variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=40) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) que persistiram quando avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valor crítico para expressão da variância fenotípica da coleção: >1,0. Valor crítico para descarte de variáveis: <0,7.

- CP #1 – Pico da colheita das sementes -PC, pico da emissão das inflorescências-PEI, início da colheita-IC, início da emissão das inflorescências - IEI; final da colheita-FC e final da emissão das inflorescências – FEI.
- CP #2 – Sementes colhidas – SEMCOL e sementes puras corrigidas pela degrana - SEMPURAC
- CP #3 -- Final da emissão das inflorescências – FEI e final da colheita - FC

Tabela 30. Coeficientes de correlação linear simples entre componentes principais (CP's - expressam a variância fenotípica) e variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes (Factor loading) registrados numa coleção de *Paspalum* spp. (N=40) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) que persistiram após avaliação sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Os valores de R² apontam quanto da variância fenotípica para uma dada variável é explicada quando considerados diferentes números de componentes principais sucessivos. Valores dos coeficientes determinam o perfil e a importância relativa das variáveis em cada CP. Valores em negrito indicam as variáveis de maior importância (correlação) nos CP's com maior expressão da variância fenotípica.

Variáveis	Componentes Principais (CP)								R ² (acumulado)		
	1	2	3	4	5	6	7	8	CP # 1 ao # 8	CP # 1 ao # 3	CP # 1 ao # 4
	Coeficiente de correlação linear simples (r) entre a variável e o componente principal (factor loading)										
Sementes Colhidas - SEMCOL	0,405	0,879	0,165	0,113	0,153	-0,0170	0,0017	-0,00006	1,00	0,96	0,98
Sementes Puras (corrigidas)	0,550	0,809	-0,037	-0,119	-0,163	0,0230	0,0014	-0,00255	1,00	0,96	0,97
Início Emissão Inflorescências	0,913	-0,159	-0,330	-0,138	0,084	0,0422	0,0645	-0,02044	1,00	0,97	0,99
Pico da emissão - PEI	0,948	-0,136	-0,216	0,170	-0,059	-0,0214	0,0359	0,04784	1,00	0,96	0,99
Final da Emissão - FEI	0,700	-0,204	0,674	0,007	0,011	0,1165	-0,0167	0,01301	1,00	0,99	0,99
Início da colheita sementes - IC	0,925	-0,101	-0,321	-0,144	0,062	-0,0299	-0,0692	0,02365	1,00	0,97	0,99
Pico da Colheita -PC	0,948	-0,163	-0,196	0,175	-0,045	0,0036	-0,0329	-0,05056	1,00	0,96	0,99
Final da Colheita - FC	0,717	-0,190	0,656	-0,074	-0,020	-0,1134	0,0174	-0,01159	1,00	0,98	0,99
Variância Explicada	4,959	1,584	1,210	0,132	0,067	0,0304	0,0119	0,00613			
Variância (% do total)	62%	20%	15%	1,6%	0,8%	0,4%	0,1%	0,1%			

Portanto, definidas as variáveis de destaques em cada CP, pode-se denominar o CP #1 de “Limites dos Eventos fenológicos”, o CP #2 de “Produção de Sementes” e o CP #3 “Final de Eventos Fenológicos”. Essa denominação exprime o comportamento das variáveis com maior contribuição para a variância contida em cada CP. O maior número de variáveis definindo os limites fenológicos também contribuiu para o predomínio das mesmas no primeiro componente principal.

Na Tabela 30 também identifica-se a contribuição relativa de cada variável para a variância acumulada nos três CP's (96,9%), a qual variou de $R^2=96$ a 99%. Todas as variáveis tiveram a quase totalidade da sua variabilidade expressada por um reduzido número de novas variáveis (os CP's). A variável com maior representação de sua variabilidade fenotípica em três CP's foi o final da emissão das inflorescências (FEI). Todavia, variáveis como o pico da colheita de sementes e o pico da emissão de inflorescência já tinham quase 90% da sua variabilidade contemplada apenas com o primeiro componente principal (CP #1). Portanto, a análise de componentes principais mostrou-se altamente eficaz para esta coleção. Pelos coeficientes dos autovetores (Tabela 29) também foi possível identificar as variáveis avaliadas e que são passíveis de descarte. A variável pico da colheita de sementes (PC) seria a primeira a ser descartada, uma vez que apresentava o maior coeficiente no componente principal de menor expressão (CP # 8). Esta variável mostrou-se altamente correlacionada ($r=0,99$) com a variável pico da emissão de inflorescências - PEI (Tabela 31). De acordo com o procedimento recomendado para indicação de descartes (maior coeficiente de autovetor nos CP's cujos autovalores são menores que 0,7), também poderiam ser descartadas sequencialmente as variáveis início da colheita (IC), final da emissão de inflorescências (FEI) e sementes puras corrigidas (SEMPURAC), as quais mantêm altas correlações lineares com outras variáveis remanescentes, indicando redundância no papel discriminatório da variabilidade fenotípica.

Tabela 31. Coeficientes de correlação linear simples (Pearson) para as médias de variáveis ligadas ao estabelecimento, à produção e ao valor nutritivo da forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=40) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) que persistiram após avaliação sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores em negrito indicam as variáveis que pela análise dos coeficientes dos autovetores mostraram-se passíveis de descarte por serem redundantes (alto valor absoluto do coeficiente dos autovetores de baixa expressão e alto coeficiente de correlação linear simples) .

Variáveis (N=45)	SEMCOL	SEMPURAC	IEI	PEI	FEI	IC	PC	FC
Sementes Colhidas (produtividade) - SEMCOL	1,00	0,89	0,17	0,24	0,22	0,23	0,22	0,22
Sementes Puras corrigidas - SEMPURAC	0,89	1,00	0,39	0,41	0,20	0,45	0,38	0,23
Início Emissão Inflorescências - IEI	0,17	0,39	1,00	0,93	0,45	0,99	0,93	0,47
Pico da emissão inflorescências- PEI	0,24	0,41	0,93	1,00	0,54	0,93	0,99	0,56
Final da Emissão inflorescências - FEI	0,22	0,20	0,45	0,54	1,00	0,45	0,57	0,97
Início da colheita sementes - IC	0,23	0,45	0,99	0,93	0,45	1,00	0,93	0,48
Pico da Colheita sementes - PC	0,22	0,38	0,93	0,99	0,57	0,93	1,00	0,57
Final da Colheita sementes - FC	0,22	0,23	0,47	0,56	0,97	0,48	0,57	1,00

Para esta fase do experimento o número de variáveis consideradas não era elevado. No entanto, o descarte de até 50 % das variáveis poderia ser implementado, sem perdas de informação, se desejada a ampliação da capacidade de síntese da variabilidade fenotípica e a economia de tempo e de recursos na avaliação da coleção para obtenção do mesmo tipo de informação.

De um modo geral, na análise de componentes principais a indicação das variáveis passíveis de descarte também apresenta restrições para fins de inferência. O desejável seria que a mesma decorresse da aplicação da análise de componentes principais para um conjunto maior de genótipos que provavelmente reuniria maior variabilidade. Além disso, as variáveis de maior ou menor contribuição foram identificadas a partir do fenótipo e dependendo da natureza da mesma, o comportamento nem sempre é estável em diferentes ambientes. Com isso, as indicações de destaque e sugestões de descarte aplicam-se para este conjunto de genótipos e para as variáveis consideradas na análise neste ambiente. Essas orientações de descarte são relevantes para reavaliações da coleção ou de suas subcoleções derivadas.

4.3.5. Análise de agrupamentos

Os grupos de genótipos formados nos sucessivos estágios da análise de agrupamentos são apresentados no diagrama do tipo árvore da Figura 29. Os agrupamentos iniciaram-se com baixas distâncias de ligação, evidenciando alta similaridade na resposta para alguns dos genótipos.

Pela Figura 30, a primeira indicação para o ponto de parada das junções visando definição dos grupos seria por volta do passo ou junção 30, levando à definição de um excessivo número de grupos (16) com pequeno número de

genótipos por grupo, implicando pequeno ganho para a síntese da informação,

Dendrograma 45 genótipos - Fenologia Reprodutiva e Produção de Sementes

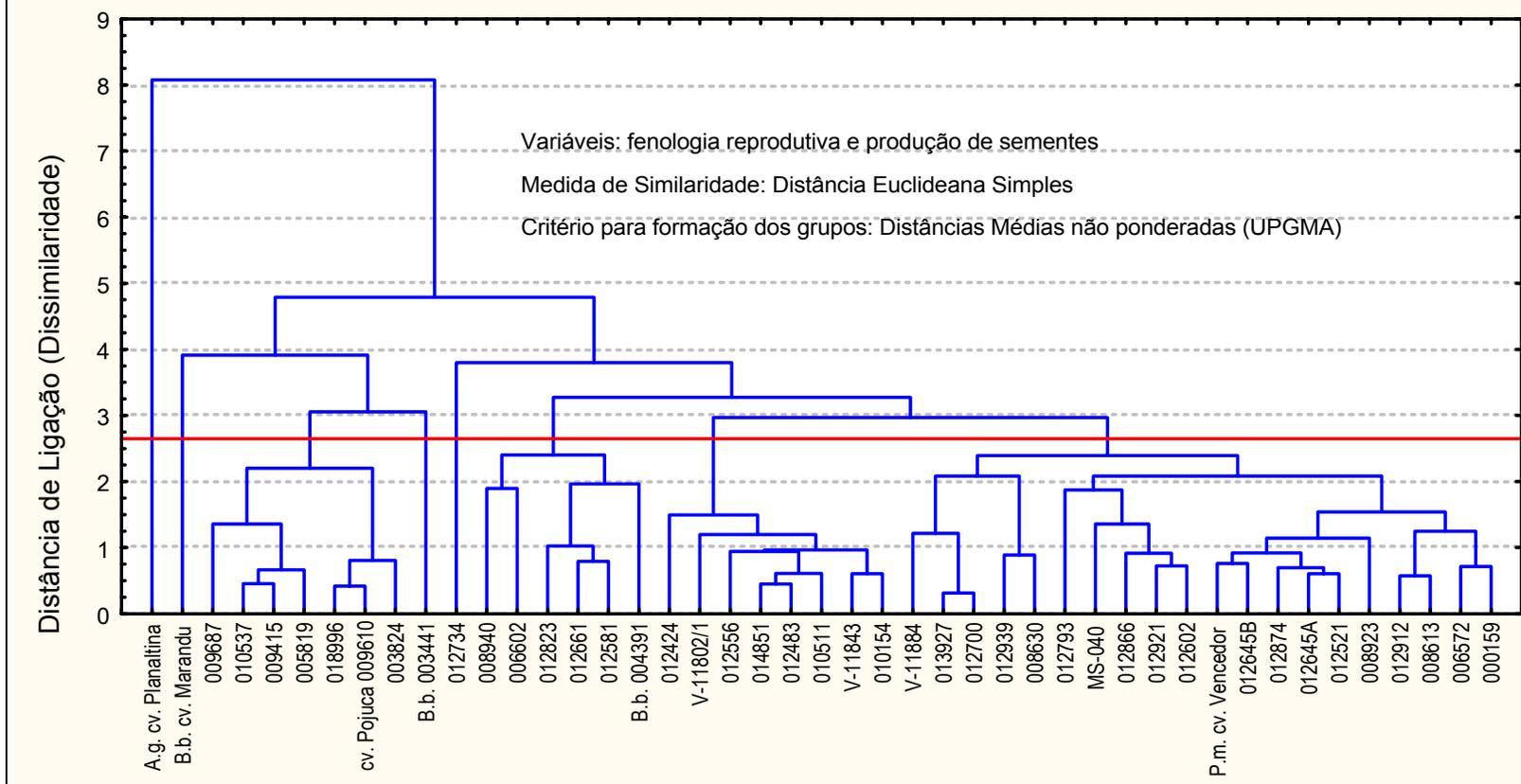


Figura 29. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade e grupos de acessos obtidos nas sucessivas junções na análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=40) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) que persistiram quando avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclidiana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). A linha horizontal contínua define o ponto de parada na formação dos agrupamentos. Definição do número de grupos (8) baseada no primeiro grande diferencial (salto) na distância de ligação entre os sucessivos passos (junções dos grupos).

principalmente se considerado o menor número de genótipos (45) que participaram das avaliações desta fase do experimento. Todavia, houve nova indicação para o ponto de parada por volta do passo ou junção 36, com a definição de oito agrupamentos, considerados suficientes para a discriminação de agrupamentos específicos para os genótipos de *Paspalum* spp. e de outros gêneros (Figura 30).

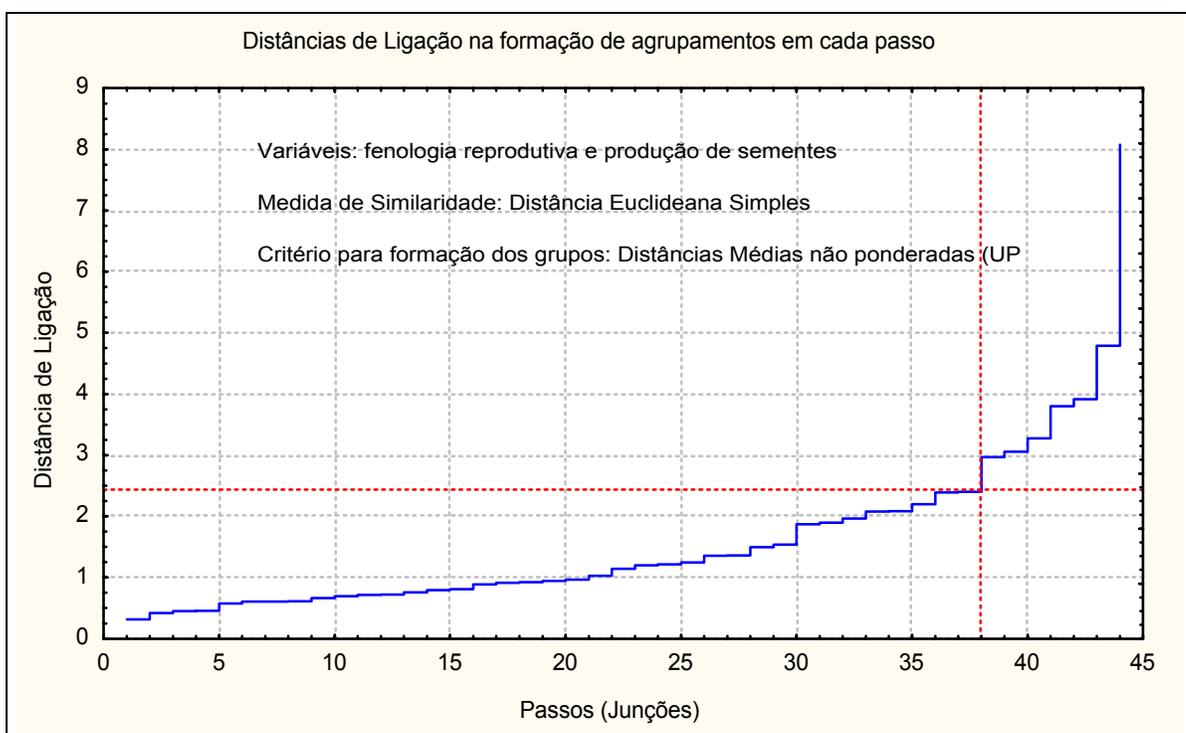


Figura 30. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade nos sucessivos passos da análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=40) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) que persistiram quando avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclideana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). Definição do número de grupos (8) baseada no primeiro grande diferencial (salto) na distância de ligação entre os sucessivos passos (junções dos grupos).

A composição dos oito grupos constituídos pode ser verificada na Figura 29 e na Tabela 32. Três das testemunhas não se agruparam com *Paspalum* spp., o que ocorreria para duas delas mesmo se houvesse a opção por um menor número de grupos (Figura 29). Verificou-se grande divergência do *Andropogon gayanus* cv. Planaltina (Grupo 1) e da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (Grupo 2) em relação aos demais genótipos, quando consideradas as variáveis usadas na análise. Os demais genótipos foram distribuídos em seis grupos de tamanhos variados, dois deles multigenéricos (Tabela 32). O maior grupo (8) reuniu 44% dos genótipos sobreviventes da coleção. Os grupos 3 e 6, de tamanhos intermediários, reuniram sete e oito genótipos cada um, representando menos de 20% dos sobreviventes.

Na Tabela 33 é apresentada a distribuição por grupo botânico e origem dos genótipos dos 8 grupos definidos pela análise. Os genótipos dos grupos botânicos Plicatula e Virgata distribuíram-se por vários agrupamentos. O grupo 3 reuniu apenas genótipos do grupo Plicatula, com predomínio daqueles cuja origem é a Região Centro-Oeste (MT e MS). Os grupos 6, 7 e 8 reuniram genótipos dos grupos botânicos Plicatula e Virgata de vários locais de origem. No grupo 8, com maior número de genótipos (20), também predominaram genótipos da Região Centro-Oeste e do grupo Plicatula, até porque foi a região com maior número de genótipos sobreviventes e que passaram pelas avaliações dessa etapa do experimento (Tabela 33).

O perfil da resposta, por variável medida, dos oito grupos é apresentado na Tabela 34. Para melhor comparação do desempenho relativo de cada grupo, na Figura 31 é apresentado o perfil médio padronizado dos grupos.

Os grupos 1, 2 e 4 foram constituídos apenas por testemunhas de outros gêneros, evidenciando grande divergência dos genótipos em relação aos demais. Nesses grupos foi alta a produção de sementes (SEMCOL e SEMPURAC), tendo comportamento tardio para as fases fenológicas, quando comparados com os demais genótipos da coleção. As variáveis que levaram a maior divergência em

relação a *Paspalum* spp. foram a alta produção de sementes (nos grupos 1, 2 e 4), o comportamento bastante tardio para o florescimento (nos grupo 1 e 4) e o final

Tabela 32. Distribuição dos acessos de gramíneas em grupos constituídos pela análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes em acessos de *Paspalum* spp. (N=40) e de outros gêneros (N=5) que persistiram por quatro anos quando avaliados sob regime de corte no ambiente dos Cerrados. Método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimiladade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 1-A para informações sobre os acessos.

GRUPOS	Nº BRA- ou nome comercial, exceto sublinhados					
1	<i>Andropogon gayanus</i> cv. Planaltina					
2	<i>Brachiaria brizantha</i> cv. Marandu					
3	003824 010537	005819 018996	009415	009610 (cv. Pojuca)		009687
4	<i>B.brizantha</i> 003441					
5	012734					
6	<i>B.brizantha</i> 004391	006602	008940	012581	012661	012823
7	010154 <u>V-11802/1</u>	010511 <u>V-11843</u>	012424	012483	012556	014851
8	000159 012602 012921 <u>V-11884</u>	006572 012700 012939	008613 012793 013927	008630 012866 012645A	008923 012874 012645B	012521 012912 <u>MS-040</u>
		<i>Panicum maximum</i> cv. Vencedor				

Acessos sem Nº BRA - Coletores: V= José F. M. Valls; MS= Mário S. França-Dantas

Tabela 33. Distribuição por gênero, grupo botânico e local de origem dos grupos de acessos de *Paspalum* e de outras gramíneas constituídos pela análise de agrupamentos com base em variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes, avaliadas no âmbito dos Cerrados.

GÊNERO	Grupo Botânico	Unidade da Federação	Variável	GRUPOS - Fenologia reprodutiva e produção de sementes									
				1	2	3	4	5	6	7	8	Total	
<i>Paspalum</i>	Plicatula	GO	Número de acessos % do Total							1 (2,2%)		1 (2,2%)	
		MG	Número de acessos % do Total							1 (2,2%)		1 (2,2%)	
		MS	Número de acessos % do Total			3 (6,7%)				2 (4,4%)	7 (15,6%)		12 (26,7%)
		MT	Número de acessos % do Total			2 (4,4%)							2 (4,4%)
		PR	Número de acessos % do Total								1 (2,2%)		1 (2,2%)
		RS	Número de acessos % do Total						2 (4,4%)		2 (4,4%)		4 (8,9%)
		SC	Número de acessos % do Total			1 (2,2%)					2 (4,4%)		3 (6,7%)
		SP	Número de acessos % do Total								1 (2,2%)		1 (2,2%)
		Não disponível	Número de acessos % do Total			1 (2,2%)						1 (2,2%)	2 (4,4%)
	Virgata	MS	Número de acessos % do Total				1 (2,2%)		2 (4,4%)		2 (4,4%)		5 (11,1%)
		SC	Número de acessos % do Total								1 (2,2%)		1 (2,2%)
		Não disponível	Número de acessos % do Total								2 (4,4%)		2 (4,4%)
	Não determinado	MS	Número de acessos % do Total								1 (2,2%)		1 (2,2%)
		Não disponível	Número de acessos % do Total							1 (2,2%)	1 (2,2%)		2 (4,4%)
Não disponível	MS	Número de acessos % do Total						1 (2,2%)	1 (2,2%)			2 (4,4%)	
<i>Andropogon</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (2,2%)								1 (2,2%)	
<i>Brachiaria</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total		1 (2,2%)		1 (2,2%)		1 (2,2%)			3 (6,7%)	
<i>Panicum</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total								1 (2,2%)	1 (2,2%)	
Total Número de acessos				1	1	7	1	1	6	8	20	45	
(% do Total)				(2,2%)	(2,2%)	(15,6%)	(2,2%)	(2,2%)	(13,3%)	(17,8%)	(44,4%)	(100,0%)	

Tabela 34. Perfil dos grupos formados pela análise de agrupamentos baseada em variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes em acessos de *Paspalum* spp. (N=40) e de outras gramíneas (N=5) que persistiram quando avaliados sob regime de corte no ambiente dos Cerrados. Método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclidiana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1).

Grupos (nº genótipos)		Sementes colhidas (kg/ha)	Sementes Puras corrigidas (kg/ha)	EI-Início Emissão de Inflorescências (dias)	PEI-Pico da emissão de inflorescências (dias)	FEI-Final da emissão de inflorescências (dias)	IC-Início da colheita das sementes (dias)	PC-Pico da colheita das sementes (dias)	FC-Final da colheita das sementes (dias)
1 (1)	Média	1.580	769	173	190	190	192	194	197
2 (1)	Média	904	193	89	148	225	103	157	227
3 (7)	Média	332	176	146	161	185	158	167	191
	Máximo	583	337	159	170	199	168	178	199
	Mínimo	98	38	129	157	170	144	157	180
4 (1)	Média	1.105	387	144	178	189	164	183	199
5 (1)	Média	1.077	426	81	99	157	89	106	161
6 (6)	Média	351	111	73	102	193	86	106	199
	Máximo	597	201	96	122	199	103	122	210
	Mínimo	51	14	51	80	185	58	85	185
7 (8)	Média	89	44	111	132	161	122	138	171
	Máximo	135	139	119	142	178	131	149	187
	Mínimo	48	6	103	122	142	112	129	154
8 (20)	Média	343	104	74	98	146	89	102	154
	Máximo	906	253	91	110	175	106	112	178
	Mínimo	35	5	44	83	122	65	86	125

tardio da emissão de inflorescência (FEI) e da colheita de sementes (FC) no grupo 2 (cv. Marandu) (Figura 31). As demais testemunhas distribuíram-se individualmente pelos demais grupos, prestando-se ao papel de traçadores ou referenciais de comportamento.

O grupo 3 apresentou genótipos com comportamento tardio para as fases fenológicas (em geral 1 a 1,5 desvios positivos), em relação à média da coleção, reunindo bons produtores de sementes puras corrigidas, acima da média geral (Figura 31). Neste grupo está contido o *Paspalum atratum* cv. Pojuca. O comportamento fenológico dos genótipos do grupo 3 foi muito parecido com o do grupo 4 (*B.brizantha* BRA-003441), com a diferença entre os grupos decorrente da produção de sementes, que foi maior no grupo 4 (Figura 31, Tabela 34). Esse grupo tendo sete componentes, reuniu seis genótipos identificados como superiores quanto à produção de forragem e valor nutritivo nas condições de fertilidade inicial maior e menor. Caracterizou-se pelo comportamento mais tardio registrado para *Paspalum* spp. na coleção e pela produção de sementes acima da média, com a colheita num período mais curto que a média da coleção, o que favorece a colheita das sementes. Em relação ao total de hastas colhidas com sementes maduras durante o período experimental, a proporção colhida por ocasião do pico da colheita foi alta nos genótipos BRA-003824 (48%), BRA-009610 (68%) e BRA-018996 (69%) e entre 27 e 39% para os demais genótipos do grupo 3, o que poderá diminuir o rendimento da colheita mecanizada das hastas destes últimos.

No grupo 5, com apenas o genótipo *Paspalum* sp. BRA-012734, caracterizou-se pela precocidade (não excessiva) e pela excepcional produção de sementes (Figura 31). Apesar disso, esse genótipo não se destacou quanto à produção de forragem, compondo um grupo em que muitos dos genótipos não persistiram. Sua colheita de sementes não ocorreu de forma concentrada, sendo um complicador

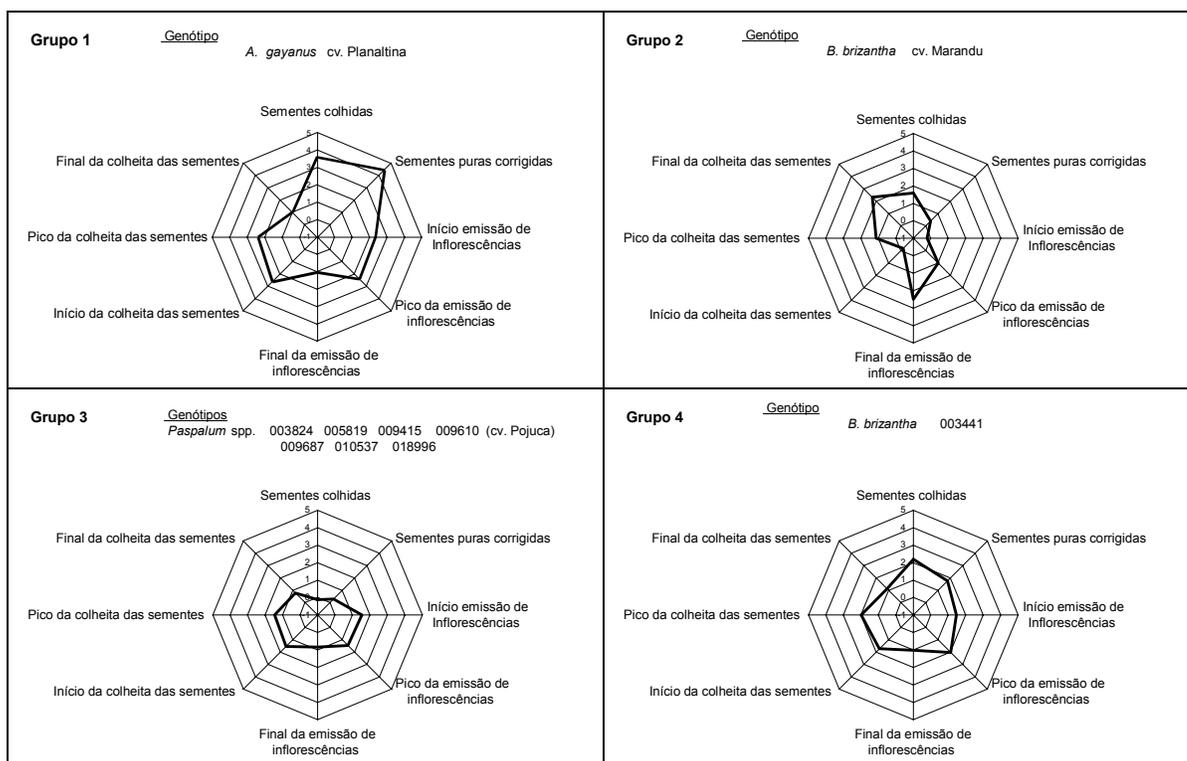
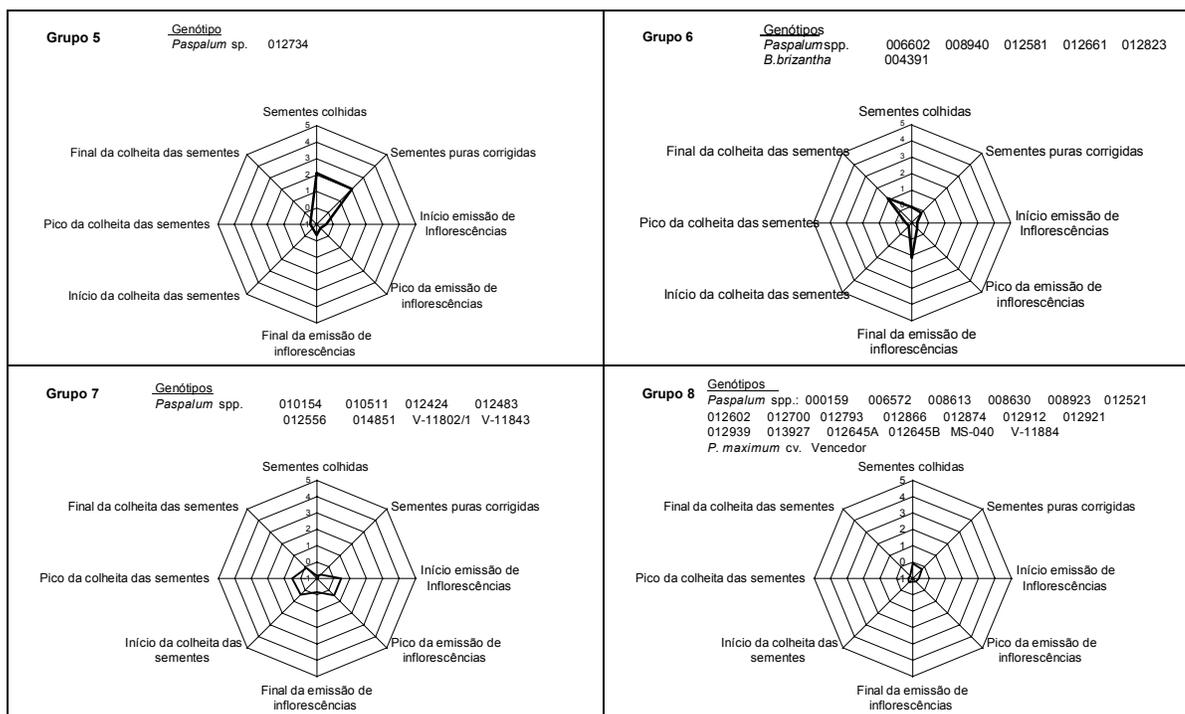


Figura 31. Perfil médio de resposta e composição dos (8) grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos de parâmetros ligados à fenologia reprodutiva e à produção de sementes de uma coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros que persistiram quando avaliados sob regime de cortes por quatro anos no âmbito dos Cerrados. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclidiana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 4-A para decodificação das variáveis.



Continuação Figura 31. Perfil médio de resposta e composição dos (8) grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos de parâmetros ligados à fenologia reprodutiva e à produção de sementes de uma coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros que persistiram quando avaliados sob regime de cortes por quatro anos no âmbito dos Cerrados. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 4-A para decodificação das variáveis.

O grupo 6 (bigenérico: *Paspalum* spp. e *B. brizantha* BRA-004391) reuniu genótipos precoces, assim como o grupo 5, porém com prolongado período de emissão das inflorescências (FEI) e de colheita das sementes (FC) e produção de sementes próxima da baixa média geral da coleção (Figura 31, Tabela 34). Esse grupo (6) *não* reuniu genótipos de *Paspalum* spp. que tenham se destacado pela

produção de forragem, e sim genótipos precoces com o final da colheita tardio, como a *B.brizantha* BRA-004391 que se destacou pela produção de forragem. Se possível, o ideal seria a colheita de sementes por varredura, como deverá ocorrer para a *B.brizantha* BRA-004391.

No grupo 7, os genótipos não foram bons produtores de sementes, com a produção bem abaixo da média geral. Os genótipos apresentaram comportamento fenológico tardio, mas não na mesma magnitude que os genótipos dos grupos 1, 2, 3 e 4. Todavia, finalizaram o período de emissão das inflorescências e de colheita das sementes mais precocemente que os grupos 1, 2, 3 e 4 (Figura 31, Tabela 34).

O grupo 7 reuniu três genótipos (BRA-012483, V-11802/1 e V-11843) com desempenho superior (neste experimento) quanto à produção de forragem em ambientes de fertilidade inicial maior e um genótipo (BRA-014851) que se destacou em ambas as condições de fertilidade inicial. Esse grupo (7) caracterizou-se pela baixa produção de sementes, ao contrário do grupo 3 que também reuniu destaques pelo mérito forrageiro, e pelo comportamento tardio inferior ao apresentado pelos genótipos do grupo 3. Em relação ao total de hastes colhidas com sementes maduras, a proporção colhida por ocasião do pico da colheita foi elevada apenas para o genótipo BRA-012556 (56%). Nos demais genótipos do grupo variou entre 30 e 35%, guardando semelhança com o verificado no grupo 3.

No grupo 8, também bigenérico (*Paspalum* spp. e *P.maximum* cv. Vencedor), a produção de sementes foi baixa, mas acima da registrada pelo grupo 7. Foram reunidos os genótipos mais precoces para emissão de inflorescência e colheita de sementes da coleção de sobreviventes (Figura 31, Tabela 34). Compuseram esse grupo, dentre outros, dois genótipos (BRA-013927 e BRA-012645A) com desempenho superior para produção de forragem em ambientes de fertilidade inicial maior e um genótipo (BRA-006572) que se destacou nas condições de fertilidade inicial maior e menor. Entre os que se destacaram pela produção de forragem, o genótipo BRA-013927 foi o que

permitiu a colheita de maior parte das hastes com sementes maduras por ocasião do pico da colheita (65%), uma das mais altas para *Paspalum* spp. Os demais genótipos que foram destaques apresentaram valores semelhantes aos registrados pelos destaques dos grupos 3 e 7 (35-42%), com os mesmos desdobramentos desse comportamento para a colheita. A preocupação com essa variável assume caráter secundário se a colheita das sementes ocorrer por varredura.

Tanto no grupo 3 como no grupo 8 foram reunidos genótipos de vários locais, mas predominaram genótipos originários do Estado do Mato Grosso do Sul e do grupo Plicatula. O grupo 8 reuniu vários genótipos do grupo Virgata. Os genótipos de *Paspalum* spp. com maior produção de sementes (grupos 3 e 5) foram provenientes da Região Centro-Oeste do Brasil, o que explica parte do êxito na produção de sementes em Planaltina-DF.

Embora tenha levado em conta a produção de sementes dos genótipos, a análise de agrupamentos constituiu grupos bastante divergentes quanto ao perfil fenológico, sendo eficiente para a melhor caracterização da coleção.

Não se considerou as variáveis fenológicas como critério de seleção ou de descarte, uma vez que muitas das supostas limitações (p.ex. produção de sementes) poderão ser superadas ou passíveis de convivência com estratégias de manejo.

4.4. Avaliação da produtividade, da adaptação e da estabilidade na produção de forragem

Na análise da adaptação e da estabilidade dos genótipos para a produção de forragem, foram considerados dez ambientes definidos pela combinação entre a condição de fertilidade inicial (maior e menor) e as estações ou avaliações (cinco). A partir da metodologia proposta por Cruz et al. (1989), foram gerados os

índices ambientais com base na média da produção de forragem no ambiente e no conjunto dos ambientes.

A análise da adaptação e da estabilidade a partir de parâmetros de uma equação bissegmentada representou, adicionalmente, uma forma de integrar simultaneamente as informações sobre a produção de forragem nas duas condições de fertilidade inicial (menor e maior), ampliando a compreensão da interação genótipo x ambiente.

De acordo com os índices ambientais negativos ou positivos, foram definidos seis e quatro ambientes como sendo desfavoráveis e favoráveis, respectivamente. As avaliações nas duas estações chuvosas (MST-CHUVA - 1992/93 e MST-CHUVA - 1993/94) nas duas condições de fertilidade inicial (menor e maior) definiram os ambientes favoráveis, enquanto que as demais avaliações (fase de estabelecimento e estações secas), pela baixa produção de forragem, foram associadas a ambientes desfavoráveis. A Figura 32 apresenta a ordenação dos ambientes segundo a sua condição (desfavorável – favorável) e seus índices ambientais.

As maiores diferenças entre os índices ambientais, proporcionados pela condição de fertilidade inicial, foram registradas nas fase de estabelecimento e na estação chuvosa 1992/93 (Figura 32). Pela ordenação dos índices ambientais, observou-se que a estação seca 1993 foi a mais desfavorável de todo o conjunto das avaliações. Dentre os ambientes favoráveis, verificou-se que a estação chuvosa 1993/94 foi o ambiente mais adverso.

Neste experimento, o maior número de ambientes definidos como desfavoráveis, segundo o critério definido por Cruz et al. (1989), ocorreu por causa das baixas ou nulas produções de forragem verificadas na fase de estabelecimento para muitos dos genótipos de *Paspalum* spp., apesar do regime hídrico favorável.

Deve-se destacar que em decorrência da menor precipitação acumulada (80% da série histórica) tanto na estação chuvosa como na estação seca, houve uma proximidade dos valores dos índices ambientais derivados da estação seca

1993 (seca 93 menor e seca 93 maior) e daqueles derivados da estação chuvosa 1993/94 (chuva 93/94 menor e chuva 93/94 maior). Todavia, apesar da restrição, os pequenos diferenciais proporcionados pela condição de fertilidade inicial

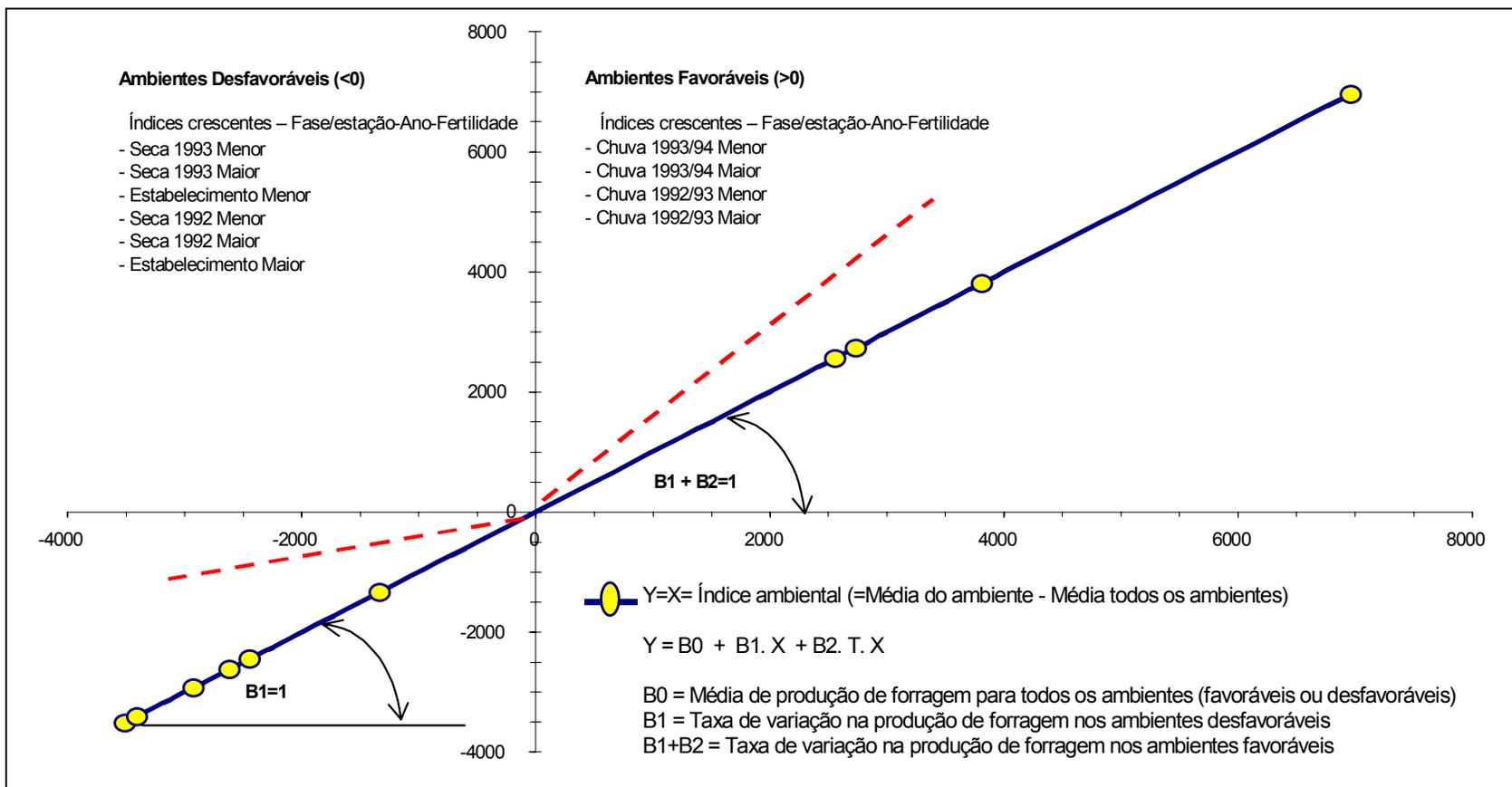


Figura 32. Valores do índice ambiental com base na produtividade de forragem sob regime de cortes de um coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=88) e de gramíneas de outros gêneros (N=5). Cada ambiente foi proporcionado pela combinação entre a época da avaliação (fase ou estação do ano – seca ou chuvosa) e a condição de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior). Índices ambientais maiores ou menores que zero indicam os ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente. A linha contínua indica a resposta de um genótipo cujo comportamento coincide com a média da coleção em todos os ambientes ($B_1+B_2=1$). A linha tracejada indica o comportamento desejável num genótipo [alta adaptação a ambientes desfavoráveis ($B_1 < 1$) e alta capacidade de resposta em ambientes favoráveis ($B_1+B_2 > 1$)].

posicionaram os ambientes com maior fertilidade inicial sempre acima daqueles com menor fertilidade inicial. Os valores bastante próximos que foram registrados entre alguns dos índices ambientais não são desejáveis (Silva, 1995), pois limitam a amplitude da variável independente (regressora) e conseqüentemente da resposta pela variável dependente, com reflexos sobre a abrangência da estimativa dos parâmetros (Crossa, 1990). Dois índices ambientais bastante próximos numa análise de regressão, praticamente equivalem a apenas um ponto (Knight, 1970).

4.4.1. Produtividade de forragem e parâmetros ligados à adaptação e à estabilidade na produção de forragem

As estimativas dos parâmetros por genótipo com base na equação de regressão linear bissegmentada e suas probabilidades associadas, bem como a produção de forragem para a média dos ambientes favoráveis e desfavoráveis são apresentadas na Tabela 35. Nessa análise, os coeficientes associam-se com o conceito de adaptação ou adaptabilidade e os desvios da regressão com a estabilidade na produção de forragem.

O intercepto (coeficiente B0) da equação bissegmentada equivale à média da produção de massa seca total (folha + colmo) em todos os (10) ambientes. Este parâmetro apresentou valor médio para *Paspalum* spp. de 3,8 t/ha, com enorme amplitude (0,3 a 8,8 t/ha), porém bastante inferior à registrada pelas gramíneas dos demais gêneros (11,0 t/ha), cuja faixa de variação foi grande (7,5 a 13,5 t/ha). Os genótipos com os maiores coeficientes B0 (médias de produção de massa seca total) foram *Paspalum* spp. BRA-009610 (cv. Pojuca) (7,9 t/ha), BRA-009652, BRA-012602, BRA-012793, BRA-018996, V-11802/1, os cvs. Vencedor, Marandu e Planaltina (13,5 t/ha) e a *B.brizantha* BRA-003441 (13,5 t/ha), cujas médias variaram de 7,5 a 13,5 t/ha (Tabela 35).

(Tabela 35 - Continuação)

Tabela 35. Parâmetros ligados à produtividade, à adaptação e à estabilidade para a produção de forragem estimados por equações de regressão bissegmentadas (Cruz et al., 1989) entre a produção de forragem e índices ambientais [proporcionados pela combinação entre período de crescimento ou estações (estabelecimento, estações secas e chuvosas) e fertilidade inicial do solo (MAIOR e MENOR)] numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores em **negrito** indicam as dez maiores médias para cada parâmetro. Células vazias indicam acessos que não se estabeleceram. Coeficientes B1, B1+B2 e desvios da regressão avaliados pelo teste F. Vide tabela 36 para decodificação dos parâmetros.

Nº BRA-	Coeficiente B0 (média todos os ambientes)	Coeficiente B1	Coeficiente B1+B2	Coeficiente B2	Quad. Médios Desvios da Regressão (1/Estabilidade)	Prob > F H0: B1=0	Prob > F H0: B1=1	Prob > F H0: B1+B2=1	Prob > F H0: B1+B2=0	Prob > F H0: B1=B1+B2	Prob > F H0: Desvios da Regressão=0	R ²	MST - Média 6 ambientes desfavoráveis	MST - Média 4 ambientes favoráveis
000159	4.481	1,051	1,915	0,864	702.086	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P<0,001	P<0,05	P >0,05	0,96	1.673	8.679
003824	6.940	1,752	2,187	0,434	4.195.476	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,94	2.204	13.966
+004120	1.361	0,279	0,710	0,432	2.864.514	P<0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,57	620	2.423
+005088	655	0,205	0,092	-0,114	212.361	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,81	85	1.506
005819	5.360	1,442	0,543	-0,899	1.839.342	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P<0,05	P >0,05	0,75	1.566	11.125
006572	5.429	1,224	1,558	0,334	5.123.549	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,90	2.147	10.297
006602	3.490	0,567	-0,410	-0,977	8.197.552	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P<0,05	0,52	2.122	5.518
+006611	4.442	0,749	1,679	0,930	2.532.954	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P >0,05	0,71	2.404	7.485
+006700	912	0,146	-0,103	-0,250	4.385.422	P>0,05	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,13	501	1.522
+006718	687	0,195	0,258	0,063	1.400.616	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,40	144	1.494
+008508	2.157	0,486	0,340	-0,146	5.913.922	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,54	883	4.064
+008524	1.831	0,512	0,115	-0,397	831.189	P<0,001	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,84	399	3.969
+008532	2.479	0,629	0,649	0,021	3.848.817	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,74	731	5.102
+008567	2.090	0,453	0,314	-0,139	2.080.431	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,72	904	3.866
008613	6.184	1,464	0,811	-0,654	1.718.846	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,93	2.237	12.038
008630	6.806	1,677	1,919	0,243	3.288.851	P<0,001	P<0,001	P<0,05	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,95	2.253	13.560
+008648	1.104	0,333	0,549	0,215	393.287	P<0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,86	194	2.508
+008672	320	0,061	0,050	-0,011	490.500	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,16	154	544
+008681	979	0,292	0,305	0,013	627.142	P<0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,76	165	2.202
+008869	1.649	0,219	0,786	0,567	3.217.342	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,50	1.126	2.424
+008877	1.412	0,202	0,341	0,139	2.739.179	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,34	899	2.151
+008893	1.718	0,261	0,427	0,167	2.855.199	P<0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,44	1.033	2.733
008923	1.496	0,376	0,416	0,040	1.173.048	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,73	438	3.066
008940	1.962	0,369	0,685	0,315	1.109.671	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,67	1.042	3.344
+008958	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Continua...

(Tabela 35 - Continuação)

Nº BRA-	Coefficiente B0 (média todos os ambientes)	Coefficiente B1	Coefficiente B1+B2	Coefficiente B2	Quad. Médios Desvios da Regressão (1/Estabilidade)	Prob > F H0: B1=0	Prob > F H0: B1=1	Prob > F H0: B1+B2=1	Prob > F H0: B1+B2=0	Prob > F H0: B1=B1+B2	Prob> F H0: Desvios da Regressão=0	R ²	MST - Média 6 ambientes desfavoráveis	MST - Média 4 ambientes favoráveis
+008974	2.609	0,595	0,799	0,204	3.842.583	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,73	945	5.114
+008982	3.266	0,742	-0,232	-0,974	2.327.235	P<0,001	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P<0,05	P >0,05	0,85	1.337	6.155
+009016	1.829	0,311	0,045	-0,266	1.534.794	P<0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,51	1.062	2.949
+009032	3.451	0,790	0,972	0,182	1.275.662	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,90	1.383	6.547
+009083	1.702	0,232	-0,065	-0,298	5.318.132	P>0,05	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,21	1.181	2.474
+009105	3.284	0,543	1,054	0,511	13.828.546	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P<0,001	0,48	1.913	5.317
+009202	1.636	0,327	0,177	-0,150	3.723.180	P<0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,42	725	2.933
+009229	535	0,105	0,224	0,118	799.865	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,37	247	1.008
009415	5.022	1,238	2,410	1,173	8.022.933	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,05	0,84	1.777	9.834
009610	7.850	2,012	2,553	0,541	3.645.943	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,84	2.437	15.878
009652	7.499	1,875	2,404	0,528	2.227.332	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,83	2.508	13.871
009687	5.583	1,370	1,377	0,007	4.577.586	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,91	1.960	10.956
+009717	2.422	0,382	0,811	0,429	1.051.547	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,84	1.455	3.865
+009784	2.555	0,555	0,340	-0,215	858.732	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,88	1.112	4.718
010154	2.378	0,504	1,189	0,684	2.070.549	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P >0,05	0,74	962	4.393
+010391	2.607	0,495	-0,081	-0,576	10.364.045	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P<0,01	0,40	1.358	4.459
010511	5.452	1,355	1,255	-0,099	733.044	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P >0,05	0,93	1.801	10.866
010537	5.634	1,501	1,962	0,462	1.966.675	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,84	1.718	11.610
+011053	3.966	0,729	0,568	-0,161	3.787.697	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,80	2.140	6.750
+011207	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
+011282	1.148	0,166	0,078	-0,088	2.009.330	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,26	712	1.774
+011355	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
+011479	313	0,082	0,232	0,150	342.421	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,43	86	649
+011517	339	0,094	0,297	0,203	385.209	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,43	79	601
012424	4.301	1,136	3,114	1,978	3.631.632	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P >0,05	0,95	1.127	9.010
012483	6.974	1,668	2,248	0,579	1.237.613	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,90	2.202	13.752
012521	3.687	0,842	0,781	-0,061	731.920	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,94	1.458	7.022
012556	4.762	1,098	1,038	-0,060	4.153.145	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P >0,05	0,90	1.778	9.188
012581	6.261	1,719	1,608	-0,111	8.444.191	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P<0,05	0,81	1.456	13.391
+012599	1.006	-0,172	0,116	0,289	2.756.643	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,16	1.448	329
012602	8.403	1,906	2,044	0,138	12.462.752	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P<0,01	0,84	3.218	16.094
012645A	6.640	1,657	1,086	-0,571	3.435.661	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P >0,05	0,93	2.145	13.309

Continua...

(Tabela 35 - Continuação)

Nº BRA-	Coefficiente B0 (média todos os ambientes)	Coefficiente B1	Coefficiente B1+B2	Coefficiente B2	Quad. Médios Desvios da Regressão (1/Estabilidade)	Prob > F H0: B1=0	Prob > F H0: B1=1	Prob > F H0: B1+B2=1	Prob > F H0: B1+B2=0	Prob > F H0: B1=B1+B2	Prob> F H0: Desvios da Regressão=0	R ²	MST - Média 6 ambientes desfavoráveis	MST - Média 4 ambientes favoráveis
012645B	5.852	1,409	0,830	-0,579	5.045.092	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,76	2.022	11.570
012661	5.678	1,487	3,561	2,074	2.367.330	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P >0,05	0,94	1.621	11.850
012700	6.185	1,389	0,406	-0,983	2.238.214	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P<0,01	P >0,05	0,92	2.371	11.845
012734	4.108	0,768	1,468	0,701	3.437.575	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,69	2.123	7.083
012793	8.808	2,091	2,979	0,889	6.811.303	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,05	P >0,05	0,91	3.119	17.300
012823	4.453	1,067	2,374	1,307	5.707.162	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P >0,05	0,88	1.570	8.759
012866	4.358	1,020	0,893	-0,127	6.128.076	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,73	1.490	8.614
012874	6.043	1,654	0,871	-0,783	13.108.588	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P<0,01	0,82	1.384	12.957
012912	4.123	1,156	1,771	0,614	1.422.630	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,94	972	8.826
012921	7.488	1,667	1,836	0,169	11.911.608	P<0,001	P<0,001	P<0,05	P<0,001	P>0,05	P<0,01	0,78	3.025	14.159
012939	5.968	1,439	1,179	-0,260	3.251.825	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P >0,05	0,95	2.092	11.717
+013102	1.840	0,489	0,774	0,285	1.974.750	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P>0,05	P >0,05	0,67	470	3.872
+013111	2.513	0,402	0,414	0,013	4.666.073	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,45	1.543	3.938
+013692	531	0,045	0,116	0,071	1.159.615	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,06	416	701
013927	6.759	1,489	1,378	-0,110	2.219.468	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,92	2.677	12.793
+013978	5.052	1,233	-0,176	-1,409	10.110.230	P<0,001	P>0,05	P<0,01	P>0,05	P<0,001	P<0,05	0,71	1.510	10.081
+014010	3.871	0,898	0,534	-0,364	8.828.226	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P<0,05	0,73	1.326	7.649
+014354	3.047	0,700	-0,105	-0,805	1.659.537	P<0,001	P<0,05	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,85	1.137	5.880
+014630	712	0,206	-0,070	-0,276	1.071.191	P>0,05	P<0,001	P<0,01	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,46	133	1.571
+014729	1.133	0,179	0,189	0,010	2.204.150	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,30	705	1.768
+014826	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
014851	7.058	1,658	2,167	0,509	6.803.072	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,90	2.596	13.677
+014885	1.808	0,474	0,560	0,087	1.346.698	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,72	513	3.770
+014907	1.592	0,405	0,197	-0,208	2.192.716	P<0,01	P<0,001	P<0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,65	457	3.290
018996	8.181	2,155	4,654	2,499	1.093.766	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P >0,05	0,90	2.389	16.773
+019470	382	0,100	0,457	0,357	164.731	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,83	103	810
*BE1 apo	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
*BE1 sex	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MS-040	4.579	0,983	0,640	-0,344	71.877	P<0,001	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P>0,05	P >0,05	0,77	1.912	8.557
V-11802/1	7.529	1,733	1,551	-0,182	9.305.154	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P>0,05	P<0,05	0,90	2.746	14.660

Continua...

(Tabela 35 - Continuação)

Nº BRA-	Coefficiente B0 (média todos os ambientes)	Coefficiente B1	Coefficiente B1+B2	Coefficiente B2	Quad. Médios Desvios da Regressão (1/Estabilidade)	Prob > F H0: B1=0	Prob > F H0: B1=1	Prob > F H0: B1+B2=1	Prob > F H0: B1+B2=0	Prob > F H0: B1=B1+B2	Prob> F H0: Desvios da Regressão=0	R ²	MST - Média 6 ambientes desfavoráveis	MST - Média 4 ambientes favoráveis
V-11843	6.549	1,609	2,391	0,782	1.518.430	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P >0,05	0,95	2.176	13.077
V-11884	6.555	1,636	2,180	0,543	19.037.024	P<0,001	P<0,001	P<0,01	P<0,001	P>0,05	P<0,0001	0,79	1.944	13.398
B.b. cv. Marandu	11.689	3,107	2,521	-0,586	54.719.059	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,0001	0,84	3.328	24.091
B.b. 003441	13.509	3,926	-2,026	-5,952	9.969.968	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,05	0,90	2.675	29.582
B.b. 004391	7.461	1,670	-0,897	-2,567	1.252.179	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,05	P<0,001	P >0,05	0,66	2.926	14.189
P.m. cv. Vencedor	8.686	1,949	4,606	2,657	6.794.851	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P >0,05	0,90	3.523	16.342
A.g. cv. Planaltina	13.439	3,778	0,951	-2,827	51.084.155	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,05	P<0,001	P<0,0001	0,89	3.201	28.626
Parâmetros como se fora um genótipo														
Todos os genótipos	4.205	1,0000	1,0000	0,0000	0	P<0,0001	P=1,00	P=1,00	P<0,0001	P=1,00	P >0,05	0,38	1.498	8.116
Gênero <i>Paspalum</i>	3.786	0,8834	0,9962	0,1128	2.428.706	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P<0,001	P >0,05	0,70	1.400	7.245
Demais Gêneros	10.957	2,8860	1,0308	-1,8552	26.751.912	P<0,001	P<0,001	P>0,05	P<0,001	P<0,05	P<0,0001	0,42	3.131	22.566
Coleção														
Média	4.166	0,9860	0,9967	0,0107	4.931.412	-	-	-	-	-	-	0,71	1.498	8.116
Mínimo	313	-0,1724	-2,0262	-5,9523	71.877	-	-	-	-	-	-	0,06	79	329
Máximo	13.509	3,9261	4,6541	2,6571	54.719.059	-	-	-	-	-	-	0,96	3.523	29.582
<i>Paspalum</i> spp.														
Média	3.757	0,8716	0,9947	0,1231	3.736.675	-	-	-	-	-	-	0,71	1.400	7.245
Mínimo	313	-0,1724	-0,4100	-1,4087	71.877	-	-	-	-	-	-	0,06	79	329
Percentil 25'	1.676	0,3303	0,2774	-0,1951	1.256.638	-	-	-	-	-	-		728	2.941
Percentil 75'	5.765	1,4402	1,5831	0,4330	4.621.830	-	-	-	-	-	-		2.107	11.663
Máximo	8.808	2,1549	4,6541	2,4992	19.037.024	-	-	-	-	-	-	0,96	3.218	17.300
Demais Gêneros														
Média	10.957	2,8860	1,0308	-1,8552	24.764.042	-	-	-	-	-	-	0,84	3.131	22.566
Mínimo	7.461	1,6696	-2,0262	-5,9523	1.252.179	-	-	-	-	-	-	0,66	2.675	14.189
Máximo	13.509	3,9261	4,6060	2,6571	54.719.059	-	-	-	-	-	-	0,90	3.523	29.582

Continua...

O comportamento produtivo descrito anteriormente (coeficiente B0) refletiu da produção de forragem por categoria de ambiente (desfavorável ou favorável). Em ambas as categorias de ambiente, em média, a produção de forragem em *Paspalum* spp. foi menor (desfavorável: 1,4 t/ha e favorável: 7,2 t/ha) que a registrada pelos demais gêneros (desfavorável: 3,1 e favorável: 22,6 t/ha) (Tabela 35). Houve maior distanciamento entre os gêneros quando considerados os ambientes favoráveis, nos quais o máximo valor obtido por *Paspalum* (17,3 t/ha), situou-se pouco acima do mínimo registrado pelas gramíneas dos demais gêneros (14,2 t/ha). Nos ambientes desfavoráveis, poucos genótipos de *Paspalum* spp. superaram o valor mínimo ou a média obtida pelas gramíneas de outros gêneros.

Os destaques para a média de produção de forragem (2,7 a 3,5 t/ha) nos ambientes desfavoráveis foram *Paspalum* spp. BRA-012602, BRA-012793, BRA-012921, BRA-013927, V-11802/1, os cvs. Marandu, Vencedor e Planaltina, e *Brachiaria* spp. BRA-003441 e BRA-004391 (Tabela 35). O *Paspalum atratum* cv. Pojuca produziu 2,4 t/ha.

Para os ambientes favoráveis, os destaques foram *Paspalum* spp. BRA-009610 (cv. Pojuca) (15,9 t/ha), BRA-012602, BRA-012793 (17,3 t/ha), BRA-018996, os cvs. Marandu (24,1 t/ha), Vencedor e Planaltina (28,6 t/ha), e *Brachiaria* spp. BRA-003441 (29,6 t/ha) e BRA-004391 (Tabela 35).

O intercepto (coeficiente B0) e as médias da produção de massa seca nos ambientes favoráveis e nos ambientes desfavoráveis foram variáveis-chave para a análise interpretativa mais precisa dos coeficientes que representam as taxas de respostas às variações dos ambientes (B1: ambientes desfavoráveis; B1+B2: ambientes favoráveis). Tanto que estas variáveis, juntamente com os coeficientes e os desvios da regressão, foram consideradas na análise de agrupamentos dos genótipos.

O coeficiente B1 (taxa de resposta às variações nos ambientes desfavoráveis) quando considerados apenas os genótipos de *Paspalum* spp. apresentou valor médio de 0,87, variando de -0,17 a 2,15, enquanto que para os

demais genótipos o valor médio foi de 2,89, variando de 1,67 a 3,93 (Tabela 35 e Figura 33), possuindo maior sensibilidade às variações nos ambientes desfavoráveis. Em *Paspalum* spp., os maiores valores para o coeficiente B1 foram obtidos pelos genótipos BRA-003824 (B1=1,75), BRA-009610 (cv. Pojuca) (B1=2,00), BRA-009652, BRA-012602, BRA-012793, BRA-018996 (B1=2,15) (Tabela 35). Apenas genótipos de *Paspalum* spp. apresentaram baixos valores de B1, considerados desejáveis para ambientes desfavoráveis. Muitos coeficientes não diferiram estatisticamente de zero ($P>0,05$), variando de -0,17 a 0,20 (Tabela 35). Todavia, esses coeficientes estiveram associados a baixíssimas produções de forragem nos ambientes desfavoráveis que por apresentarem baixa variação proporcionaram a geração de baixos coeficientes B1. Entre as testemunhas, a *B.brizantha* BRA-004391 foi a que apresentou menor coeficiente B1 (1,67) (Tabela 35).

Por se referir aos ambientes desfavoráveis, conceitualmente o valor de B1 para um genótipo deveria situar-se próximo de zero. Na coleção avaliada, apenas genótipos de *Paspalum* spp. apresentaram baixos valores de B1, considerados desejáveis para ambientes desfavoráveis. Observou-se que os genótipos testemunhas não apresentaram este comportamento e sim o contrário, com altos coeficientes, embora sejam as principais referências e recomendados para pastagens da Região dos Cerrados. Em *Paspalum* spp. vários genótipos também apresentaram altos valores para o coeficiente B1.

Da análise mais acurada dos genótipos com baixos valores para o coeficiente B1, verificou-se que os mesmos apresentavam baixos valores de B0 (média das produtividades) e baixas produções nos ambientes desfavoráveis que pouco variavam. Daí a origem dos baixos coeficientes B1 que do ponto de vista agrônomo não tiveram significado para direcionamento da seleção dos genótipos mais adaptados aos ambientes adversos. Além disso, apesar de constatada posteriormente a esta fase do experimento, grande parte dos genótipos bom baixo valor para B1 não persistiram ou sobreviveram até o início das avaliações fenológicas. Na interpretação do coeficiente de adaptabilidade

Com base no comportamento dos genótipos testemunhas, que repetidamente foram superiores, e dos genótipos de *Paspalum* spp. com melhor desempenho nos ambientes desfavoráveis, observou-se que maiores produções nos ambientes desfavoráveis parecem estar sempre associados a maiores valores para os coeficientes B1. Indicando que há uma intensa redução ou aumento da produção de forragem em resposta às variações dos ambientes desfavoráveis.

Na coleção avaliada ficou patente que é remota a possibilidade de compatibilizar a adaptação aos ambientes desfavoráveis (baixos valores de B1) com produções de forragem em patamares aceitáveis. Não pode ser desconsiderado o simples fato de que a coleção não possui genótipos com estas características. E foi oportuno ter ocorrido nesta coleção para essa conjugação de ambientes (estações x fertilidade), para que não se estabelecessem grandes expectativas futuras no caso de ter se deparado com o genótipo ideal, dada a limitação que a técnica apresenta de ter a resposta condicionada pelos genótipos envolvidos e pelas produtividades dos mesmos. Por outro lado, não pode ser desconsiderado que em ambientes adversos menos restritivos à produção ou com um maior número de índices ambientais melhor distribuídos seja possível estimar coeficientes B1 que atendam ao conceito de adaptação proposto pela técnica.

Mesmo assim, permanece válida a interpretação do coeficiente B1 em relação aos demais genótipos. Se transposto o comportamento associado ao coeficiente B1 dos genótipos testemunhas e dos genótipos de *Paspalum* com maior produção para outros cenários, com os mesmos genótipos, pode-se inferir que deve ser de grande magnitude e rápida a diminuição na produção de forragem, a exemplo da instalação do processo de degradação da pastagem ou quando há exposição a condições climáticas mais extremas que as registradas neste experimento. Por outro lado, há a tendência de que no bom manejo da pastagem as condições ambientais tornem-se progressivamente mais favoráveis e, assim, estes genótipos poderão proporcionar incrementos na produção de forragem em maiores taxas que outros. Logo, o valor agrônomo do coeficiente

B1 reside na definição de onde se encontra o patamar de produção e para onde ele irá se deslocar sob controle (manejo) ou não.

Os genótipos de *Paspalum* spp. indicados como superiores pelo mérito forrageiro a partir da análise de agrupamentos com base em variáveis da produção e do valor nutritivo da forragem, apresentaram valores para B1 variando de 1,2 a 2,2. As testemunhas apresentaram valor médio de 2,89.

O coeficiente B1+B2 (taxa de resposta às variações nos ambientes favoráveis) apresentou valor médio de 0,99 para os genótipos de *Paspalum* spp., com variação de -0,41 (BRA-006602) a 4,65 (BRA-018996). Os destaques em *Paspalum* spp. foram: BRA-009415 (2,41), BRA-00960 (2,55), BRA-009652 (2,40), BRA-012424 (3,11), BRA-012661 (3,56), BRA-012793 (2,98), BRA-018996 (4,65) e V-11843 (2,39). Mais sete genótipos de *Paspalum* spp. tiveram valor B1+B2 acima de 2,0. Quando considerados os demais genótipos, o valor médio de B1+B2 foi de 1,03, variando de -2,03 (B.brizantha BRA-003441) a 4,60 (cv. Vencedor) (Tabela 35 e Figura 33). Assim, na média da coleção, *Paspalum* spp. apresentaram a mesma elasticidade na resposta às variações dos ambientes favoráveis, com diferenças no tocante ao patamar de produtividade.

Exceto para o *Panicum maximum* cv. Vencedor, também pôde-se observar que nas demais testemunhas houve decréscimo na taxa de resposta aos ambientes favoráveis (-1,85) quando comparada com a taxa de resposta aos ambientes desfavoráveis (valor B2) (Tabela 35 e Figura 33), ao passo que em *Paspalum* spp. este diferencial nas taxas entre ambientes, apesar de pequeno, foi positivo (0,12). Todavia, a variação na taxa de resposta entre ambientes de naturezas distintas (favorável e desfavorável) foi significativa ($H_0: B1=B1+B2$, $P<0,05$) para poucos genótipos (17), sendo comum para as testemunhas, exceto para a *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (Tabela 35). Em *Paspalum* spp., essas diferenças entre as taxas de respostas foram positivas em BRA-000159, BRA-006611, BRA-009415, BRA-012424, BRA-012661, BRA-012793, BRA-012823, BRA-018996, este último com o maior diferencial de toda a coleção. Os genótipos

com diminuição significativa na taxa de resposta foram BRA-005819, BRA-006602, BRA-008392, BRA-012700, BRA-013978.

O valor 0,99 para o coeficiente B1+B2 foi lógico pois os genótipos de *Paspalum* spp. representaram 93% dos genótipos avaliados na coleção e para a média de qualquer coleção os coeficientes B1 e B1+B2, por conta do método, coincidem e têm valor 1. Assim, quando se compara o coeficiente B1+B2 com os valores de B1, constata-se que em *Paspalum* spp. houve a manutenção da tendência de resposta apresentada nos ambientes desfavoráveis (0,87 para 0,99), enquanto que nos demais gêneros a taxa de resposta ao ambiente experimentou acentuada redução (2,89 para 1,03) sob forte influência do comportamento de *Brachiaria* spp. BRA-003441 e BRA-004391. No entanto, o patamar de produtividade das testemunhas, que era superior, permaneceu acima do verificado para *Paspalum* spp.. Porém em *Paspalum* spp. há a oportunidade de seleção com base no coeficiente B1+B2, pois os valores variaram de -0,41 a 4,65, com genótipos de maior eficiência relativa para a produção de forragem em ambientes favoráveis do que as testemunhas.

Esse comportamento médio das testemunhas para os ambientes favoráveis não era esperado, mas sim uma ampliação da sua capacidade de resposta (positiva ou negativa) no ambiente favorável em relação ao ambiente desfavorável, como a verificada para o *Panicum maximum* cv. Vencedor. Se seguido o rigor estatístico, mesmo em *Paspalum* spp., foram detectados apenas 13 genótipos com diferenciais positivos e significativos ($P < 0,05$) para o coeficiente B1+B2 em relação ao coeficiente B1.

A não existência de diferenças entre os valores de B1 e B1+B2 pode sugerir que o detalhamento propiciado pela análise bissegmentada (Cruz et al., 1989) seria desnecessário, bastando a análise pelo método de Eberhart & Russel (1966), com apenas um segmento. Todavia, o registro de vários desvios da regressão significativos ($P < 0,05$), mesmo com a equação bissegmentada, indicou que se adotada a equação de regressão linear simples, haveria precariedade na estimativa dos parâmetros para alguns genótipos.

O exercício de transposição desses genótipos para outros ambientes com maior fertilidade do solo e mais chuvoso pode ser considerado e, de forma semelhante, os genótipos mais produtivos manifestarão uma grande elasticidade na resposta com diferenças na taxa da resposta de *Paspalum* spp. em relação às testemunhas.

Quando considerados os genótipos superiores no tocante à produção e ao valor nutritivo da forragem, apontados pela análise de agrupamentos, observou-se que nesses genótipos (13) os valores para o coeficiente B1+B2 variaram de 0,5 a 4,7, com os valores entre 1,0 e 2,0 sendo os mais frequentes. Apenas três genótipos tiveram suas taxas de resposta aumentadas em relação aos ambientes desfavoráveis.

Quanto à estabilidade na produção de forragem, os desvios da regressão fornecem esta indicação, guardando relação inversa. Também têm o caráter de previsibilidade das projeções de produção de forragem por genótipo. Nesta coleção avaliada a menor estabilidade entre ambientes foi registrada nos genótipos testemunhas e a maior em *Paspalum* spp.. No entanto, em ambos foi verificada uma grande faixa de variação (Tabela 35). Os genótipos com menores desvios e, conseqüentemente, com maior estabilidade foram *Paspalum* spp. BRA-000159, BRA-008648, BRA-008672, BRA-008681, BRA-011479, BRA-011517, BRA-012521, BRA-019470 e MS-040. Dessa relação, foram poucos os genótipos (MS-040, BRA-012521, BRA-000159) com algum destaque na escala da sua produção de forragem.

Os desvios da regressão apontaram maior estabilidade em *Paspalum* spp., parecendo estar associada de modo inverso ou negativamente com o patamar de produtividade. Entre os genótipos de *Paspalum* spp com menores desvios da regressão ou com maior estabilidade não ocorreram genótipos que se destacassem pela alta produção de forragem. (Tabela 35).

O genótipo tido como ideal é difícil de ser encontrado. Para vários parâmetros viu-se que mesmo as testemunhas que são amplamente utilizadas e que foram pesquisadas por vários anos, nem sempre têm o conjunto de seus

atributos encaixando-se com o tipo idealizado pela pesquisa. No caso da estabilidade (variável desvios da regressão) e da adaptação aos ambientes adversos (coeficiente B1), isso foi nítido, pois aqueles que se enquadraram como ideais com base nos parâmetros, não se destacavam pela produção de forragem.

Constatou-se que a análise de variáveis isoladamente, como no caso dos coeficientes de adaptação nesta coleção, pode representar uma armadilha no processo de seleção.

4.4.2. Correlação entre variáveis e parâmetros

Entre os parâmetros medidos (produção) e estimados nas equações bissegmentadas (B0, B1, B2, B1+B2) existiu alta correlação linear simples entre B0 e B1 ($r=0,99$) (Tabela 36). De magnitude intermediária ocorreu entre B0 e B1+B2 ($r=0,48$) e entre B1 e B1+B2 ($r=0,45$). Já entre B0 e B2 e entre B1 e B2 foram baixas as correlações, porém negativas ($r= -0,24$ a $-0,29$) (Tabela 36).

A média da produção de forragem nos ambientes desfavoráveis guardou alta correlação com B1 ($r=0,81$) e, surpreendentemente, mais ainda ($r=1,0$) com a média da produção de forragem nos ambientes favoráveis, cuja correlação com B1+B2 ($r=0,46$) foi intermediária (Tabela 36).

Essas correlações reiteram aspectos discutidos em itens anteriores, tais como a incompatibilidade, verificada nesta coleção e nos ambientes considerados, entre altas produções de forragem nos ambientes desfavoráveis e baixos valores para o coeficiente B1 (adaptação).

O valor do coeficiente B1 mostrou-se correlacionado com as produtividades de forragem nos ambientes (favoráveis, desfavoráveis, e no conjunto dos

mesmos), tendo desdobramentos além do seu significado que seria restrito aos ambientes desfavoráveis.

Tabela 36. Matriz de coeficientes de correlação linear simples (r - Pearson) e probabilidades ($H_0: r = 0$) entre parâmetros ligados à produtividade, à adaptação e à estabilidade para a produção de forragem, estimados por equações de regressão bissegmentadas, por genótipo, entre a produção de forragem e índices ambientais (Cruz et al., 1989) numa coleção de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados em condições ambientais diversas [combinação de período de crescimento ou estação (estabelecimento, estações secas e chuvosas) e fertilidade inicial do solo (MAIOR e MENOR)]. Valores de r não significativos ($P > 0,05$) estão em **negrito**.

Variáveis	MMSTTODOS	MMST-DES	MMST-FAV	B0	B1	B1+B2	B2	DESVREG	R ²
MMSTTODOS	1,00	0,90	0,99	1,00	0,98	0,48	-0,24	0,56	0,63
Média da Produção de Matéria Seca Total em 10 ambientes	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,024	p=0,001	p=0,001
MMST-DES	0,90	1,00	0,85	0,90	0,81	0,51	-0,08	0,46	0,52
Média da Produção de Matéria Seca Total em ambientes desfavoráveis	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,462	p=0,001	p=0,001
MMST-FAV	0,99	0,85	1,00	1,00	1,00	0,46	-0,27	0,58	0,64
Média da Produção de Matéria Seca Total em ambientes favoráveis	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,010	p=0,001	p=0,001
B0	1,00	0,90	1,00	1,00	0,99	0,48	-0,24	0,57	0,63
Intercepto (B0) da equação bissegmentada	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,001	p=0,023	p=0,001	p=0,001
B1	0,98	0,81	1,00	0,99	1,00	0,45	-0,29	0,58	0,64
Coefficiente de regressão (B1) para o segmento dos ambientes desfavoráveis	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,006	p=0,001	p=0,001
B1+B2	0,48	0,51	0,46	0,48	0,45	1,00	0,73	0,16	0,51
Coefficiente de regressão (B1+B2) para o segmento dos ambientes favoráveis	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p= ---	p=0,001	p=0,140	p=0,001
B2	-0,24	-0,08	-0,27	-0,24	-0,29	0,73	1,00	-0,28	0,06
Coefficiente de regressão (B2)= variação na taxa entre os ambientes desfavoráveis e favoráveis	p=0,024	p=0,462	p=0,010	p=0,023	p=0,006	p=0,001	p= ---	p=0,009	p=0,581
DESVREG	0,56	0,46	0,58	0,57	0,58	0,16	-0,28	1,00	0,12
Desvios da Regressão ou falta de ajuste (Estabilidade)	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,140	p=0,009	p= ---	p=0,284
R²	0,63	0,52	0,64	0,63	0,64	0,51	0,06	0,12	1,00
Coefficiente de determinação múltiplo da equação bissegmentada	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,001	p=0,581	p=0,284	p= ---

4.4.3. Análise de agrupamentos

Os grupos de genótipos formados pela análise de agrupamentos são apresentados no diagrama do tipo árvore da Figura 34. A formação dos agrupamentos iniciou-se em baixas distâncias de ligação, evidenciando alta similaridade na resposta para alguns dos genótipos.

Pela Figura 35, a primeira indicação para o ponto de parada das junções visando definição dos grupos seria por volta do passo ou junção 77, levando à definição de um excessivo número de grupos (11). No entanto, houve nova indicação por volta do passo ou junção 82, com a definição de seis agrupamentos. Todavia, toda a coleção de *Paspalum* spp. estaria quase que completamente confinada a dois grandes grupos, com pouca discriminação dos genótipos. Então, optou-se por antecipar e definir como ponto de parada para definição dos agrupamentos a distância de ligação 2, tentando-se não levar a uma fragmentação excessiva dos agrupamentos que já aconteceria na distância de ligação entre 1,5 e 2,0 (Figura 34 e 35). Com isso, foram definidos sete agrupamentos, com alguma discriminação dentro de *Paspalum* spp..

A composição dos sete grupos constituídos pode ser verificada também na Figura 34 pela linha que define o ponto de parada e na Tabela 37. O *Panicum maximum* cv. Vencedor foi a única testemunha a compor grupo com genótipo de *Paspalum*, indicando alta divergência de comportamento das testemunhas para o conjunto das seis variáveis consideradas nesta análise (produtividade de forragem, coeficientes da equação bissegmentada e desvios das regressão bissegmentada). O mesmo ocorreria mesmo se considerada a redução do número total de grupos para três ou quatro (Figura 34).

Verificou-se grande divergência do *Andropogon gayanus* cv. Planaltina e da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu (Grupo 1), bem como da *B.brizantha* BRA-003441 (Grupo 2) dos demais genótipos. O grupo 3 foi o único que reuniu

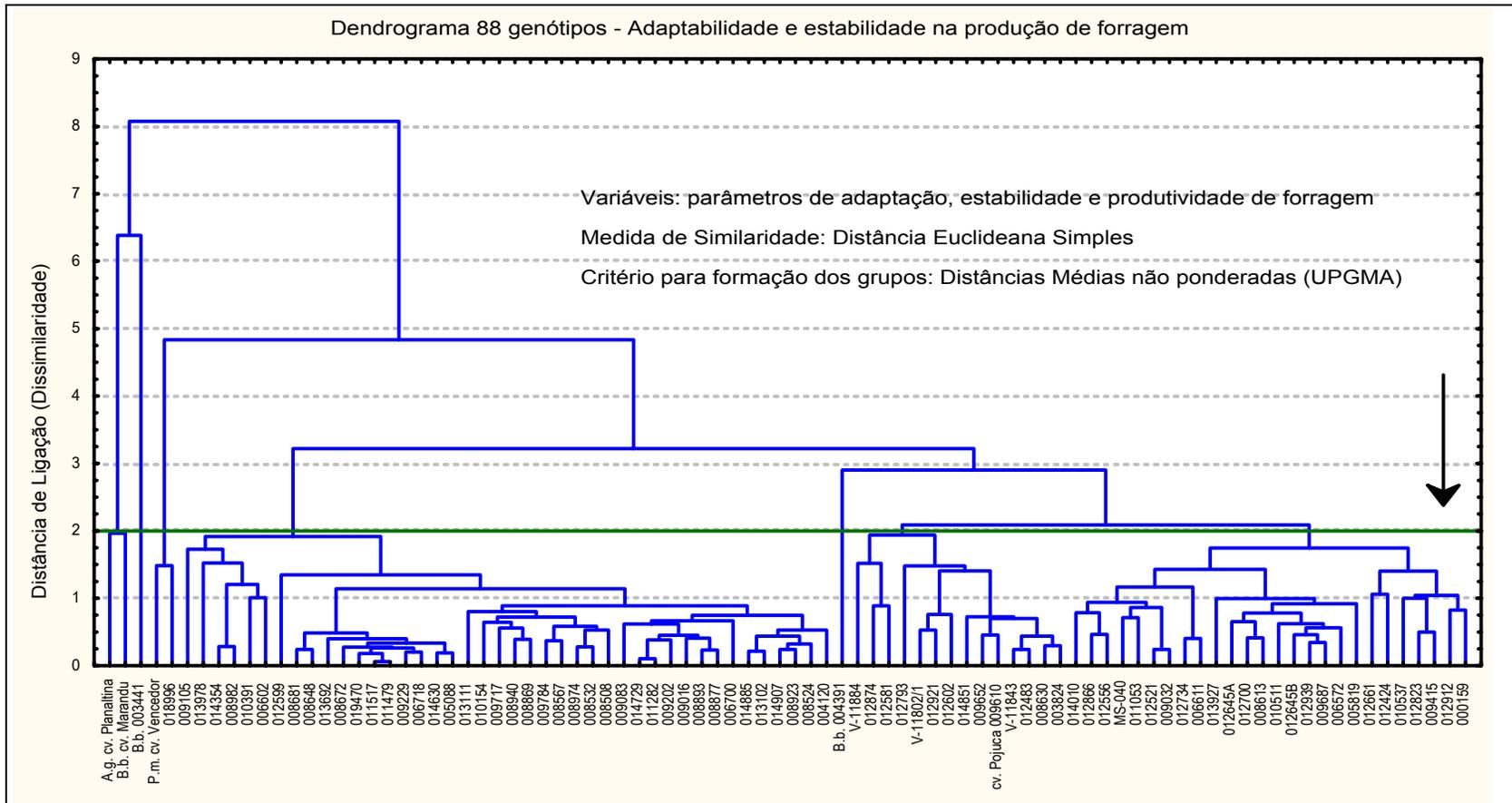


Figura 34. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade e grupos de acessos obtidos nas sucessivas junções na análise de agrupamentos baseada em parâmetros ligados à produtividade, adaptação e estabilidade na produção de forragem em diferentes condições ambientais (10 combinações de estação/época e fertilidade inicial do solo) numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclideana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). A linha horizontal contínua define o ponto de parada na formação dos agrupamentos. Definição do número de grupos (7) baseada no primeiro grande diferencial (salto) na distância de ligação entre os sucessivos passos (junções dos grupos) e necessidade discriminar *Paspalum* spp..

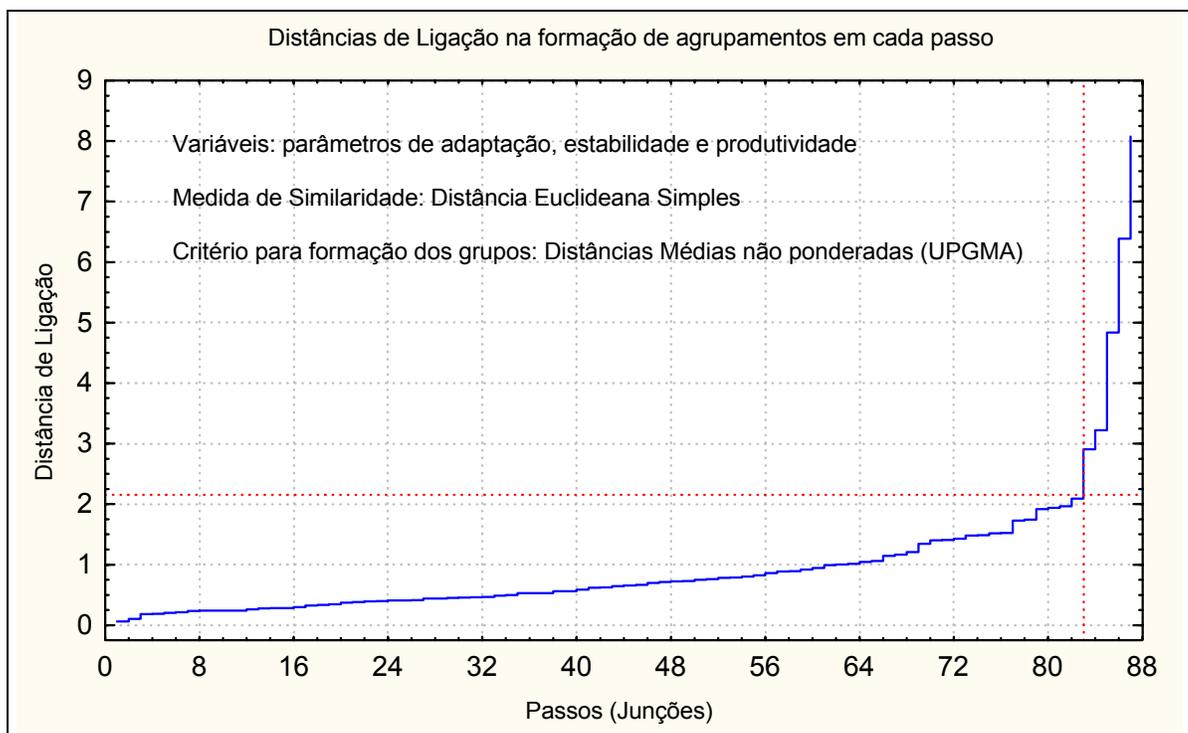


Figura 35. Distâncias de ligação (adimensional) ou dissimilaridade nos sucessivos passos da análise de agrupamentos baseada em parâmetros ligados à produtividade, adaptação e estabilidade na produção de forragem em diferentes condições ambientais (10 combinações de estação/época e fertilidade inicial do solo) numa coleção de acessos de *Paspalum* spp. (N=83) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Método de agrupamento hierárquico aglomerativo: distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância euclidiana das variáveis padronizadas (média=0 e variância=1). Definição do número de grupos (6) baseada no primeiro grande diferencial (salto) na distância de ligação entre os sucessivos passos (junções dos grupos).

um genótipo de *Paspalum* (BRA-018996) e uma gramínea de outro gênero (*P.maximum* cv. Vencedor). O grupo 5 foi formado apenas com a *B.brizantha* BRA-004391, enquanto que os demais genótipos (82) foram distribuídos em três grandes grupos exclusivos com *Paspalum* spp. (Grupos 4, 6 e 7) (Tabela 37).

Na Tabela 38 é apresentada a distribuição por grupo botânico e origem dos genótipos dos 7 grupos definidos pela análise. O maior grupo (Grupo 4), com 42 genótipos, reuniu 40 genótipos do grupo Plicatula, com predomínio daqueles cuja

Tabela 37. Distribuição dos genótipos de *Paspalum* spp. e de outras gramíneas em grupos constituídos pela análise de agrupamentos baseada em parâmetros ligados à produtividade, à adaptação e à estabilidade para a produção de forragem, estimados por equações de regressão bissegmentadas (Cruz et al., 1989) entre a produção de forragem e índices ambientais no Cerrado. Método das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 1-A para informações sobre os genótipos.

Grupos	Nº BRA- ou nome comercial, exceto sublinhados					
1	<i>Brachiaria brizantha</i> cv. Marandu <i>Andropogon gayanus</i> cv. Planaltina					
2	<i>B.brizantha</i> 003441					
3	018996	<i>Panicum maximum</i> cv. Vencedor				
4	004120	005088	006602	006700	006718	008508
	008524	008532	008567	008648	008672	008681
	008869	008877	008893	008923	008940	008974
	008982	009016	009083	009105	009202	009229
	009717	009784	010154	010391	011282	011479
	011517	012599	013102	013111	013692	013978
	014354	014630	014729	014885	014907	019470
5	<i>B.brizantha</i> 004391					
6	003824	008630	009610 (Pojuca)		009652	012483
	012581	012602	012793	-	012874	012921
	014851	V-11802/1	V-11843	V-11884		
7	000159	005819	006572	006611	008613	009032
	009415	009687	010511	010537	011053	012424
	012521	012556	012661	012700	012734	012823
	012866	012912	012939	013927	014010	012645A
	012645B	<u>MS-040</u>				

origem é a Região Sul do Brasil. Dos 26 genótipos com origem no Rio Grande do Sul, 22 foram alocados no grupo 4 que também reuniu oito genótipos do Estado de Santa Catarina e sete do Estado do Paraná.

O grupo 6 (14 genótipos) foi multiregional e envolveu genótipos do grupo Plicatula e Virgata. Todavia, prevaleceram genótipos coletados no Estado do Mato Grosso do Sul (Tabela 38).

No grupo 7, o segundo maior em número de genótipos (26), também reuniu genótipos da Região Centro-Oeste e Sul do Brasil, com a prevalência daqueles do grupo Plicatula, originários do Estado do Mato Grosso do Sul. Até porque foi a região com maior número de genótipos sobreviventes e que passaram pelas avaliações dessa etapa do experimento (Tabela 38).

Na Tabela 39 é apresentado o perfil da resposta por variável utilizada na análise, para os oito grupos constituídos. Para comparação do desempenho relativo de cada grupo, na Figura 36 é apresentado o perfil médio padronizado dos grupos.

O grupo 1 reuniu os cvs. Marandu e Planaltina que apresentaram grandes desvios positivos em relação à média da coleção para todas as variáveis. Evidenciaram altas produções de forragem em ambientes diversos (coeficiente B0, MST-ambientes desfavoráveis e MST-favoráveis), com altas taxas de variação na produção de forragem tanto em ambientes favoráveis (B1+B2) como desfavoráveis (B1), porém com baixa estabilidade (valores altos para desvios da regressão) (Figura 36).

O genótipo de *B.brizantha* BRA-003441, único do grupo 2, também mostrou elevadas produções de forragem, a maior taxa de variação na produção em ambientes favoráveis (B1=3,92) e estabilidade da produção pouco abaixo da média (desvios da regressão). Todavia, apresentou alta taxa de depressão na produção de forragem quando ocorre melhoria da condição em ambientes favoráveis (B1+B2= -2,03) (Tabela 39, Figura 36).

O genótipo *B.brizantha* BRA-004391 (grupo 5) apresentou comportamento/tendências semelhantes à verificada no grupo 2, com média superior àquela da coleção para vários dos indicadores, porém de menor magnitude. Também manifestou menor taxa de depressão na produção de forragem em ambientes

Tabela 38. Distribuição por gênero, grupo botânico e local de origem dos grupos de acessos de *Paspalum* e de outras gramíneas constituídos pela análise de agrupamentos baseada em parâmetros ligados à produtividade, à adaptação e à estabilidade para a produção de forragem estimados por equações de regressão bissegmentadas (Cruz et al., 1989) entre a produção de forragem e índices ambientais no Cerrado. Condições de ambiente proporcionadas pela combinação entre épocas de avaliação da produção e fertilidade do solo.

GÊNERO	Grupo Botânico	Unidade da Federação ou Província	Variável	Grupos - Produtividade, Adaptação e Estabilidade na produção de forragem									
				1	2	3	4	5	6	7	Não se estabeleceu	Total	
<i>Paspalum</i>	Notata	Não se aplica	Número de acessos % do Total								2 (2,1%)	2 (2,1%)	
		Corrientes	Número de acessos % do Total			1 (1,1%)						1 (1,1%)	
	Plicatula	GO	Número de acessos % do Total			1 (1,1%)				1 (1,1%)		2 (2,1%)	
		MG	Número de acessos % do Total						1 (1,1%)		1 (1,1%)	2 (2,1%)	
		MS	Número de acessos % do Total		1 (1,1%)	1 (1,1%)			4 (4,3%)	8 (8,5%)		14 (14,9%)	
		MT	Número de acessos % do Total							2 (2,1%)		2 (2,1%)	
		PR	Número de acessos % do Total			7 (7,4%)				2 (2,1%)		9 (9,6%)	
		RS	Número de acessos % do Total			22 (23,4%)				4 (4,3%)	3 (3,2%)	29 (30,9%)	
		SC	Número de acessos % do Total			7 (7,4%)			1 (1,1%)	2 (2,1%)		10 (10,6%)	
		SP	Número de acessos % do Total						1 (1,1%)			1 (1,1%)	
		Não disponível	Número de acessos % do Total			1 (1,1%)				2 (2,1%)		3 (3,2%)	
		Virgata	MS	Número de acessos % do Total						2 (2,1%)	3 (3,2%)		5 (5,3%)
			SC	Número de acessos % do Total			1 (1,1%)						1 (1,1%)
	Não disponível		Número de acessos % do Total						1 (1,1%)	1 (1,1%)		2 (2,1%)	
	Não determinado	MS	Número de acessos % do Total						1 (1,1%)			1 (1,1%)	
		Não disponível	Número de acessos % do Total						1 (1,1%)	1 (1,1%)		2 (2,1%)	
	Não disponível	MS	Número de acessos % do Total			1 (1,1%)			2 (2,1%)			3 (3,2%)	
	<i>Andropogon</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)								1 (1,1%)
	<i>Brachiaria</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total	1 (1,1%)	1 (1,1%)			1 (1,1%)				3 (3,2%)
	<i>Panicum</i>	Não se aplica	Não se aplica	Número de acessos % do Total			1 (1,1%)						1 (1,1%)
Total Número de acessos (% do Total)				2 (2,1%)	1 (1,1%)	2 (2,1%)	42 (44,7%)	1 (1,1%)	14 (14,9%)	26 (27,7%)	6 (6,4%)	94 (100,0%)	

Tabela 39. Perfil dos grupos de acessos de *Paspalum* spp. e de outras gramíneas formados pela análise de agrupamentos de parâmetros ligados à produtividade, à adaptação e à estabilidade para a produção de forragem estimados por equações de regressão bissegmentadas (Cruz et al., 1989) entre a produção de forragem e índices ambientais no Cerrado. Método das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). MST= Massa seca Total. Vide tabela 36 para decodificação das demais variáveis.

Grupos (nº de acessos)		MST - Média 6 ambientes desfavoráveis	MST - Média 4 ambientes favoráveis	Coefficiente B0	Coefficiente B1	Coefficiente B1+B2	Desvios da Regressão (1/Estabilidade)
1	Média	3.265	26.359	12.564	3,443	1,736	52.901.607
	(2) Máximo	3.328	28.626	13.439	3,778	2,521	54.719.059
	Mínimo	3.201	24.091	11.689	3,107	0,951	51.084.155
2	Média	2.675	29.582	13.509	3,926	-2,026	9.969.968
(1)							
3	Média	2.956	16.558	8.434	2,052	4,630	3.944.309
	(2) Máximo	3.523	16.773	8.686	2,155	4,654	6.794.851
	Mínimo	2.389	16.342	8.181	1,949	4,606	1.093.766
4	Média	787	3.116	1.727	0,352	0,306	2.859.588
	(42) Máximo	2.122	10.081	5.052	1,233	1,189	13.828.546
	Mínimo	79	329	313	-0,172	-0,410	164.731
5	Média	2.926	14.189	7.461	1,670	-0,897	1.252.179
(1)							
6	Média	2.376	14.267	7.197	1,761	2,067	7.428.381
	(14) Máximo	3.218	17.300	8.808	2,091	2,979	19.037.024
	Mínimo	1.384	12.957	6.043	1,609	0,871	1.237.613
7	Média	1.826	9.768	5.013	1,183	1,389	3.267.316
	(26) Máximo	2.677	13.309	6.759	1,657	3,561	8.828.226
	Mínimo	972	6.547	3.451	0,729	0,406	71.877

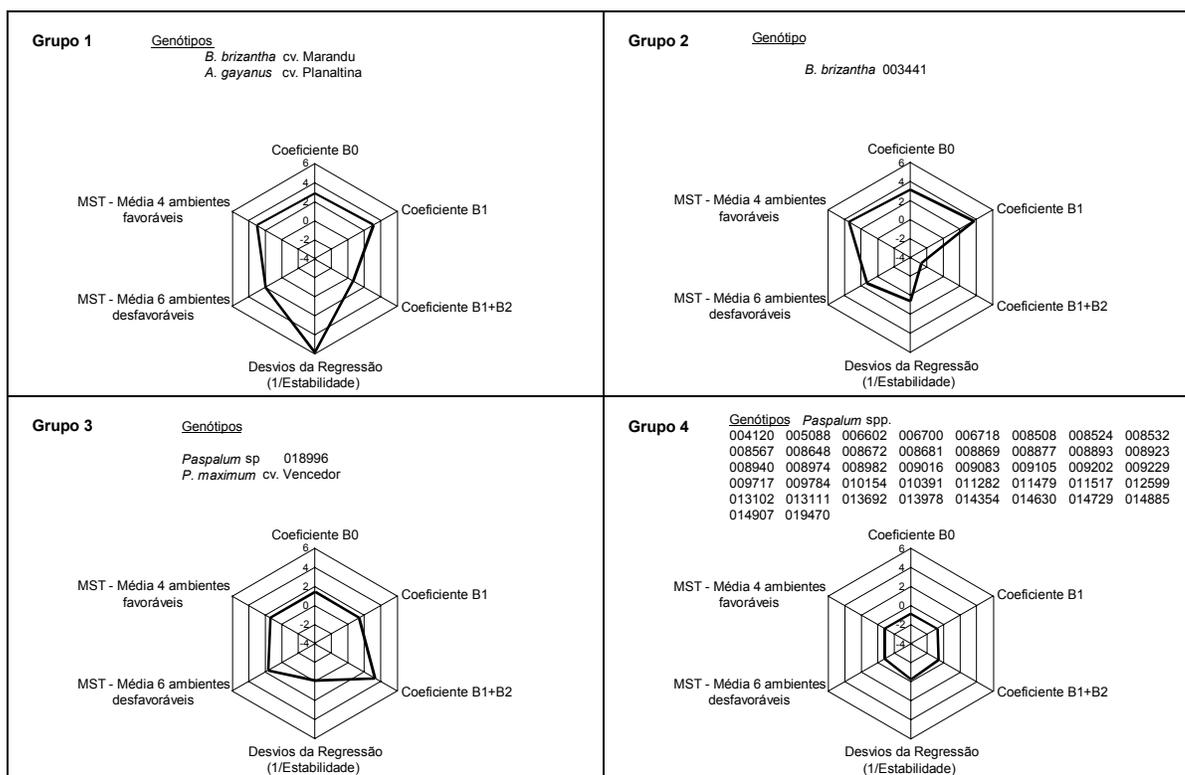
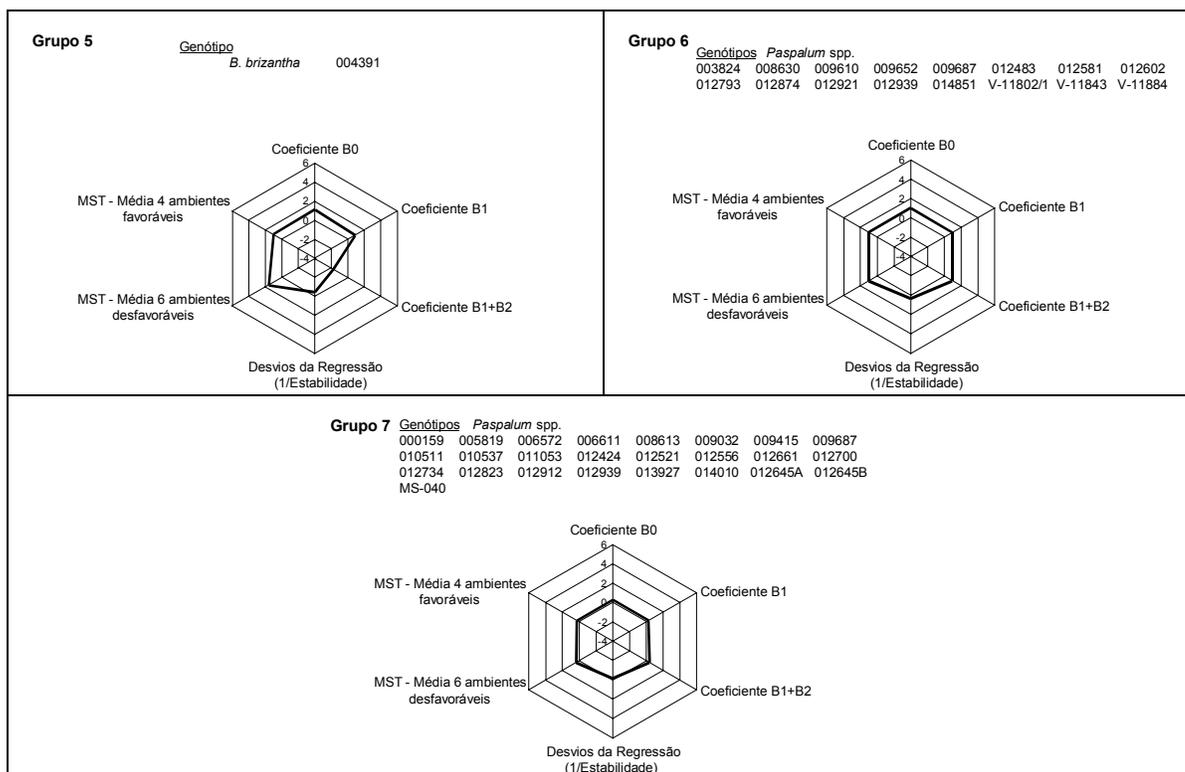


Figura 36. Perfil médio de resposta e composição dos grupos (1 a 7) de genótipos (N=88) formados pela análise de agrupamentos de parâmetros ligados à produtividade, adaptação e estabilidade na produção de forragem estimados diretamente ou por equações de regressão bissegmentadas (Cruz et al., 1989) entre a produção de forragem e índices ambientais. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 4-A para decodificação das variáveis. A relação é inversa entre desvios da regressão e estabilidade.



Continuação Figura 36. Perfil médio de resposta e composição dos grupos (1 a 7) de genótipos (N=88) formados pela análise de agrupamentos de parâmetros ligados à produtividade, adaptação e estabilidade na produção de forragem estimados diretamente ou por equações de regressão bissegmentadas (Cruz et al., 1989) entre a produção de forragem e índices ambientais. A magnitude da resposta de cada variável, em cada grupo, está expressa como desvios em relação à média da coleção (valor de referência=0). Para a representação gráfica, as médias de todas as variáveis foram padronizadas (média=0, variância=1) permitindo a comparação do conjunto das variáveis entre grupos e em relação à média da coleção. Agrupamentos segundo o método hierárquico aglomerativo das distâncias médias não ponderadas (UPGMA) e dissimilaridade baseada na distância Euclideana de variáveis padronizadas (média=0, variância=1). Vide tabela 4-A para decodificação das variáveis. A relação é inversa entre desvios da regressão e estabilidade.

favoráveis ($B1+B2 = -0,90$) e maior estabilidade na produção de forragem (desvios da regressão), em relação à registrada pelo grupo 2 e à média geral da coleção.

O grupo 3, bigenérico, comportou *Paspalum atratum* BRA-018996 e o *Panicum maximum* cv. Vencedor, foi caracterizado pelas altas produções de forragem e altas taxas de variação na produção tanto em ambientes

desfavoráveis como em ambientes favoráveis (principalmente), com ampla e elástica resposta na produção de forragem. Além disso, mostrou-se com estabilidade próxima da média da coleção, algo incomum para os genótipos mais produtivos desta coleção (Figura 36, Tabelas 35 e 39)

No grupo 3 estão reunidos o *Panicum maximum* cv. Vencedor e o *Paspalum atratum* BRA-018996, que se caracterizaram pela alta produção de forragem e pelas altas taxas de resposta em produção de forragem tanto em ambientes favoráveis como desfavoráveis, além de alta estabilidade na produção de forragem. O genótipo BRA-018996 apresentou o maior coeficiente B1+B2 da coleção, sinalizando ser altamente provável sua resposta a práticas de manejo como a adubação e que deve ter ampliada a sua produção de forragem em ambientes sem restrições climáticas como as verificadas durante grande parte do experimento em que o mesmo foi avaliado.

No maior grupo de genótipos (Grupo 4), os indicadores da produtividade situaram-se abaixo da média da coleção, com baixas taxas de resposta nos ambientes favoráveis (B1+B2) e desfavoráveis (B1). Todavia, com alta estabilidade na produção (desvios da regressão). O comportamento de B1 e dos desvios da regressão são desejáveis. No entanto, quando integrado com as informações sobre as produtividades médias nos ambientes desfavoráveis, verifica-se que o comportamento desejável e registrado para estes parâmetros não foram suficientes para caracterizar o grupo de genótipos como tendo perfil superior ou diferenciado. Pela dimensão do grupo também verifica-se que o mesmo apresentou grande amplitude de variação para os parâmetros sob avaliação (Tabela 39, Figura 36).

Todavia, as produções de forragem nas duas categorias de ambientes situaram-se abaixo da média da coleção. Além disso, dos 42 genótipos que o compõem, 38 não persistiram até o início das avaliações fenológicas.

O grupo 6 caracterizou-se pela superioridade de pequena magnitude, em relação à média da coleção, para os parâmetros ligados à adaptação e à produtividade de forragem, sendo, todavia, os valores das taxas de respostas aos

ambientes inferiores aos registrados pelo grupo 3. Além disso, a sua estabilidade produtiva (desvios da regressão) situou-se abaixo da média da coleção, porém semelhante à verificada no grupo 3 (Figura 36, Tabela 39).

No grupo 6, entre os seus componentes encontram-se seis genótipos identificados como superiores, que juntamente com os demais caracterizaram-se pela produção de forragem acima da média da coleção, tanto nos ambientes favoráveis como nos ambientes desfavoráveis. A taxa de resposta da produção de forragem às variações do ambiente também situaram-se acima da média da coleção. Após o grupo 3, que contém o genótipo BRA-018996, este grupo reúne os genótipos de *Paspalum* spp. com maior potencial de produção e com maior elasticidade na produção de forragem, com maior estabilidade na produção que os cv. Planaltina e Marandu. Trata-se, portanto, do grupo que congrega a elite de *Paspalum* spp. da coleção na produção de forragem, ao lado do grupo 3.

No grupo 7, os genótipos tiveram produção de forragem, nos diversos ambientes, regularmente superior e próxima da média da coleção. As taxas de resposta ao ambiente (B1, B1+B2) também situaram-se acima da média da coleção, porém foram menores que as registradas pelo grupo 6 e bem acima do observado no grupo 4. Por outro lado, mostrou-se com estabilidade para a produção de forragem (Figura 36, Tabela 39). Nesse grupo 7, também foram reunidos seis genótipos apontados como superiores em ambientes de maior fertilidade inicial, o qual apresentou produção de forragem acima, mas muito próxima da média da coleção e suas taxas de resposta em produção às variações do ambiente foram próximas da média, mas pouco abaixo. No entanto, mostrou-se com maior estabilidade na produção de forragem que o grupo 6. Este grupo 7 reúne, portanto, a terceira opção de genótipos quando o foco do interesse é a produção de forragem e a capacidade de responder positivamente a melhorias nas condições do ambiente.

Observou-se nos grupos 6 e 7 que além dos genótipos identificados como superiores figuram muitos outros que se destacaram pela produção de forragem e pelos seus coeficientes da equação bissegmentada extremamente favoráveis. No

entanto, esses genótipos foram desconsiderados quanto ao mérito para prosseguimento em provas nos estágios mais avançados do programa de seleção. Vale salientar que a análise que identificou os genótipos como promissores para a produção de forragem envolvia outro elenco de variáveis, com propósitos mais abrangentes do que exclusivamente a produção de forragem, embora a análise de componentes principais tenha apontado o conjunto das variáveis ligadas à produção de forragem como o mais importante na caracterização da coleção.

A maior abrangência para a identificação dos genótipos superiores de *Paspalum* spp. foi contemplada com a inclusão de variáveis ligadas à fase de estabelecimento, ao valor nutritivo e à caracterização da forragem na época seca. Assim, por exemplo, os genótipos superiores que estão compondo o grupo 7, considerado de desempenho abaixo dos grupos 3 e 6 na análise da produtividade, adaptação e estabilidade produtiva, foram avaliados levando-se em conta outros atributos adicionais àqueles da produção de forragem.

Vale lembrar, ainda como ilustração, que o genótipo BRA-012793 que está no grupo 6, apresentou indicadores excepcionais e figurou na lista como destaque de cada um dos parâmetros de adaptação e estabilidade para a produção de forragem. O mesmo ocorrendo para o conjunto de variáveis consideradas para a seleção dos genótipos mais promissores, exceto para o valor nutritivo que foi extremamente baixo e cujas variáveis (proteína bruta e digestibilidade *in vitro* da massa seca) foram discriminatórias e usadas como critério de não inclusão.

5. CONCLUSÕES

A coleção de genótipos de *Paspalum* spp. avaliada apresentou variabilidade fenotípica para atributos relacionados ao estabelecimento de pastagens, à produção e ao valor nutritivo da forragem, à fenologia reprodutiva e à produção de sementes, bem como para a resposta à condição de fertilidade do solo.

A condição de fertilidade inicial do solo interagiu com os genótipos e afetou o estabelecimento, a produção de forragem na estação chuvosa e a quantidade e a participação das frações verde e seca da forragem acumulada na estação seca.

Os genótipos de *Paspalum* spp. desta coleção apresentaram, em média, menor produção de forragem, menor teor de proteína bruta e menor digestibilidade *in vitro* da matéria seca na forragem do que os genótipos comerciais de gramíneas de outros gêneros com recomendação de uso para a Região dos Cerrados.

Os genótipos de *Paspalum* spp. com desempenho superior quanto à produção de forragem e aos indicadores do valor nutritivo da forragem na condição de menor fertilidade inicial do solo foram BRA-003824, BRA-005819, BRA-006572, BRA-009415, BRA-009610 (*Paspalum atratum* cv. Pojuca), BRA-010537, BRA-014851, BRA-018996. Para a condição de maior fertilidade inicial do solo foram os genótipos BRA-003824, BRA-005819, BRA-006572, BRA-009415, BRA-009610 (*Paspalum atratum* cv. Pojuca), BRA-010537, BRA-012483, BRA-012645A, BRA-013927, BRA-014851, BRA-018996 e V-11802/1 e V-11843.

Os genótipos BRA-012700 e BRA-012793 destacaram-se pela produção de forragem, porém apresentaram restrições quanto ao teor de proteína bruta e/ou a digestibilidade *in vitro* da matéria seca da forragem. Com a melhor compreensão acerca da natureza desse comportamento, estes genótipos também poderão ser incorporados à relação daqueles selecionados como promissores.

A análise do local de origem e do comportamento produtivo dos genótipos que não sobreviveram ao período experimental sugere que novas introduções e/ou coletas de germoplasma para uso forrageiro na Região dos Cerrados sejam reorientadas segundo o local de coleta, o grupo botânico e/ou a espécie de *Paspalum*.

A análise de componentes principais permitiu que mais de 80% da variabilidade fenotípica desta coleção, avaliada por diferentes conjuntos de variáveis, seja expressa em três ou quatro componentes principais, com a possibilidade de descarte de diversas variáveis redundantes.

O comportamento reprodutivo tardio e a menor duração do período de colheita de sementes predominaram nos genótipos apontados como superiores.

Os genótipos mais produtivos apresentaram altas taxas de variação na produção de forragem em resposta às variações das condições do ambiente, o que dificultou a compatibilização entre a adaptação e a estabilidade para a produção de forragem.

A pressão de seleção foi efetiva na avaliação inicial do desempenho agrônomo do germoplasma de *Paspalum* da coleção, mas não permitiu indicar a superação do desempenho de cultivares com recomendação de uso na região dos Cerrados. Deve-se considerar que futuros lançamentos de cultivares deverão atender cada vez mais a subecossistemas ou sistemas de produção específicos, com os cultivares tendo um caráter de complementaridade e não de exclusão.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLEM, A.C; VALLS, J.F.M. **Recursos forrageiros nativos do pantanal matogrossense**. Brasília: EMBRAPA, 1987. 339p. (EMBRAPA-CENARGEN - Documentos, 8).
- BARCELLOS, A. de O., PIZARRO, E.A. and COSTA, N. de L. Agronomic evaluation of novel germplasm under grazing: *Arachis pintoii* BRA -031143 and *Paspalum atratum* BRA -0096100. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 18., 1997, Winnipeg and Saskatoon, Canada. **Proceedings**. Session 22, Forage Grassland Management. ID No. 424, 1997. p.47 – 48.
- BATISTA, L.A.R; GODOY, R. Caracterização de germoplasma do gênero *Paspalum* na Região Central do Estado de São Paulo - Brasil. I - Características vegetativas. In: PIZARRO. E.A. (Ed.) RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992a. **Memórias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992a. p. 97-105 (CIAT - Documento de trabajo, 117).
- BATISTA, L.A.R; GODOY, R. Introdução e avaliação do potencial forrageiro em germoplasma do gênero *Paspalum* na região de São Carlos, São Paulo. In: PIZARRO. E.A. (Ed.) RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992b. **Memórias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992b. p. 239-245 (CIAT - Documento de trabajo, 117).
- BATISTA, L.A.R.; GODOY, R. Caracterização preliminar e seleção de germoplasma do gênero *Paspalum* para produção de forragem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.1,p. 23-32, 2000.
- BATISTA, L.A.R.; GODOY, R.; PEREIRA, J. M. C. Avaliação do potencial forrageiro de espécies do gênero *Paspalum*. Ensaio 1992/93. In: REUNIÃO

- ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 31., Maringá, PR, 1994. **Anais**. Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1994. p 641.
- BECKER, H.C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, Dordrecht, v. 30, n.3, p. 835-840, 1981.
- BOIN, C. Produção animal em pastos adubados. In: MATTOS, H.B.; WERNER, J.C.; YAMADA, T. (Ed.) SIMPÓSIO SOBRE CALAGEM E ADUBAÇÃO DE PASTAGENS, 1., Nova Odessa, SP, 1985. **Anais**. Piracicaba: POTAFOS, 1986. p. 383-419.
- BUXTON, D.R.; FALES, S.L. Plant environment and quality. In: FAHEY Jr. G.C. (ed.). **Forage quality, evaluation e utilization**. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1994. p.155-199.
- CARNEIRO, J.da.C.; VALENTIM, J.F.; WENDLING, I.J. Avaliação e seleção de acessos de *Paspalum* spp. adaptados ao ecossistema do Acre. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., Botucatu, SP, 1998. **Anais**. Botucatu: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1998. p. 170-172. Volume Forragicultura.
- CARVALHO, M.A.; PIZARRO, E.A. Caracterização fenológica e produção de sementes de *Paspalum* spp. no Distrito Federal. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SEMENTES, 8., 1993. **Resumos. Informativo ABRATES**, v. 3, n. 3, p. 134, junho. 1993.
- CARVALHO, M.A.; PIZARRO, E.A.; VALLS, J.F.M.; MACIEL, D. *Paspalum plicatulum*: Evaluación agronómica de ecótipos en el Cerrado. In: PIZARRO, E.A. (Ed.) RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992. **Memórias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992. p. 247-250 (CIAT - Documento de trabajo, 117).
- CHAMBLISS, C.G. **Bahiagrass**. Gainesville: University of Florida/IFAS. 2000. 6p. *Florida Agricultural Experiment Station (SS-AGR-36)*.
- COSTA, N. de L.; GONÇALVES, C.A.; OLIVEIRA, J.R. da C.; OLIVEIRA, M.A.S. **Rendimento de gramíneas em Ariquemes - RO**. Porto Velho: UEPAE Porto Velho, 1988. 4p. (EMBRAPA-UEPAE Porto Velho. Comunicado Técnico, 63).
- COSTA, N. de L.; GONÇALVES, C.A.; OLIVEIRA, M.A.S.; OLIVEIRA, J.R.C. **Introdução e avaliação de gramíneas forrageiras em Porto Velho-RO**. Porto Velho: EMBRAPA-UEPAE Porto Velho, 1989a. 4p. (EMBRAPA-UEPAE Porto Velho. Comunicado Técnico, 74)
- COSTA, N. de L.; OLIVEIRA, J.R.C.; GONÇALVES, C.A. Avaliação agronômica de gramíneas forrageiras em Rondônia, Brasil. **Pasturas Tropicales**, Cali, v.11, n.3, p. 21-24, 1989b.

- COSTA, N. de L.; TOWNSEND C.R.; MAGALHAES J.A.; PEREIRA, R.G. de A. **Avaliação agrônômica de genótipos de *Paspalum* em Rondônia.** Porto Velho: EMBRAPA Rondônia, 1997a, 4p. (EMBRAPA-Rondônia. Comunicado Técnico, 141).
- COSTA, N. de L.; TOWNSEND C.R.; MAGALHAES J.A.; PEREIRA, R.G. de A. **Resposta de genótipos de *Paspalum* ao diferimento.** Porto Velho: EMBRAPA Rondônia, 1997b, 4p. (EMBRAPA-Rondônia. Comunicado Técnico, 139).
- COSTA, N. de L.; TOWNSEND C.R.; MAGALHAES J.A.; PEREIRA, R.G. de A. **Avaliação agrônômica de gramíneas forrageiras sob sombreamento de seringal adulto.** Porto Velho: EMBRAPA Rondônia, 1999, 4p. (EMBRAPA-Rondônia. Comunicado Técnico, 172).
- CROSSA, J. Statistical analysis of multilocation trials. **Advances in agronomy**, San Diego, v.44, único, p. 55-85, 1990.
- CRUZ, C.D., TORRES, R.A. de, VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.12, p. 567-580, 1989.
- DAHER, R.F.; MORAES, C.F.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, A.V.; XAVIER, D.F. Seleção de caracteres morfológicos discriminantes em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.26, n.2, p. 247-254, 1997.
- DIAS FILHO, M.B.; SIMÃO NETO, M.; SERRÃO, E.A.S. Cluster analysis for assessing the agronomic adaptation of *Panicum maximum* Jacq. accessions. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.29, n.10, p. 1509-1516, 1994.
- DIAS FILHO, M.B.; SIMÃO NETO, M.; SERRÃO, E.A.S. Avaliação da adaptação de acessos de *Panicum maximum* para a Amazônia Oriental do Brasil. **Pasturas Tropicais**, Cali, v.17, n.1, p. 3-8, 1995.
- DYKE, G.V.; LANE, P.W.; JENKYN, J.F. Sensitivity (stability) analysis of multiple variety trials, with special reference to data expressed as proportions or percentages. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v.31, n.1, p.75-87, 1995.
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6, n.1, p.36-40, 1966.
- EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos.** 4^a. impressão. Brasília: EMBRAPA Produção de Informação; Rio de Janeiro: EMBRAPA Solos, 2001. 412 p.
- EMBRAPA Cerrados. **Capim Vencedor:** nova opção para formação de pastagens nos cerrados. Brasília: EMBRAPA-CPAC e EMBRAPA-SPSB. Folder. 1990.

- EMBRAPA Cerrados. **Capim Pojuca**. Brasília: EMBRAPA-CPAC, 2001. Folder.
- EVERITT, B.S. **Cluster analysis**. Third edition. London: Arnold, 1995. 170 p.
- FAO. **Fertilizer and plant nutrition guide**. Rome: FAO, 1984. 176 p. (FAO Bulletin N° 9).
- FRANÇA-DANTAS, M.S.; ANDRADE, R.P. de; GROF, B.; ZOBY, J.L.F.; KORNELIUS, E.; SOUZA, F.B. de. Relato dos projetos de seleção de *Paspalum* para os Cerrados. In: SAVIDAN, Y.; ALCÂNTARA, P.B.; VALLS, J.F.M.; QUARÍN, C.; ALMEIDA, A.R.P. de (Ed.) ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO DO GÊNERO *PASPALUM*. Nova Odessa, SP, 1987. **Anais**. Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1987. p. 15-21.
- FREUND, R.J.; LITTELL, R.C. **SAS System for regression**. Second Edition, Cary, NC: SAS Institute Inc., 1992. 210 p.
- GHISI, O.M.A.A.; VEASEY, E.A.; OTSUK, I.P. Avaliação e seleção de acessos de *Neonotonia wightii* com utilização de análise multivariada. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, v.51, n.1, p. 77-85, 1994.
- GHISI, O.M.A.A.; VEASEY, E.A.; OTSUK, I.P. Avaliação agronômica de acessos do gênero *Mimosa* L. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, v.56, n.1, p. 15-23, 1999.
- GOEDERT, W. (Ed.) **Solos dos Cerrados: tecnologias e estratégias de manejo**. 1a. edição, 1a. reimpressão. São Paulo: Nobel; Brasília: EMBRAPA-CPAC, 1987. 422 p.
- HACKER, J. B. & MINSON, D. J. The digestibility of plant parts. **Herbage Abstracts**, Wallingford, v.51, n.9, p. 459-482, 1981.
- HAIR Jr., J.F., ANDERSON, R.E., TATHAM, R.L., BLACK, W.C. **Multivariate data analysis**. 4th edition. Upper Saddle River, New Jersey: Prentice Hall, 1995. 745 p.
- HARE, M.D., SAENGKHAM, M., THUMMASAENG, K., WONGPICHET, K., SURIYAJANTRATONG, W., BOONCHARERN, P., PHAIKAWA, C. Ubon paspalum (*Paspalum atratum* Swallen), a new grass to waterlogged soils in Northeast Thailand. **Ubon Ratchathani University (U.R.U.) Journal**, v.1, n.1., p.1-12, 1997.
- HARE, M.D.; WONGPICHET, K.; TATSAPONG, P.; NARKSOMBAT, S.; SAENGKHUM, M. Method of seed harvest, closing date and height of closing cut affect seed yield and seed yield components in *Paspalum atratum* in Thailand. **Tropical Grasslands**, St. Lucia, v.33, n.2, p.82-90, 1999.
- HARE, M.D.; KAEWKUNYA, C.; TATSAPONG, P., WONGPICHET, K., THUMMASAENG, K., SURIYAJANTRATONG, W. Method and time of

- establishing *Paspalum atratum* seed crops in Thailand. **Tropical Grasslands**, St. Lucia, v.35, n.1, p. 19-25, 2001.
- HUMPHREYS, L.R. & RIVEROS, F. **Tropical pature seed production**. Roma: FAO, 1986. 225p
- ISON, R.L.; HOPKINSON, J.M. Pasture legumes and grasses of warm climates regions. In: HALEVY, A.H. (Ed.) **Handbook of flowering**. Boca Raton, Florida: CRC Press, v. I, 1985. p. 203-251.
- JAMES, F.C.; McCULLOCH, C.E. Multivariate analysis in ecology and systematics: panacea or pandora's box ?. **Annual review of ecology and systematics**, Palo Alto, v.21, n.1, p.-129-166, 1990.
- JANK, L. Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum*. In: PEIXOTO, A.M.; MOURA, J.C. de; FARIA, V.P.de (EDS.) SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 12., 1995, Piracicaba. **Anais**. Piracicaba: FEALQ, 1995. p.21-58.
- JOLLIFFE, I.T. Discarting variables in a principal component analysis. I. Artificial data. **Applied Statistics**, v.21, n.2, p.160-173, 1972.
- JOLLIFFE, I.T. Discarting variables in a principal component analysis. II. Real data. **Applied Statistics**, v.22, n.1, p 21-31, 1973.
- JONES, R.J.; WALKER, B. Strategies for evaluating forage plants. In: McIVOR, J.G.; BRAY, R .A. (Ed.) **Genetic resources of forage plants**.. Melbourne: Commonwealth Scientific and Inustrial Research Organization (CSIRO), Vega Press, 1983. Chapter 13, p. 185-202.
- KALMBACHER, R.S.; BROWN, W.F.; COLVIN, D.L.; DUNAVIN, L.S.; KRETSCHMER JR., A.E.; MARTIN, F.G.; MULLAHEY, J.J.; RECHCIGL, J.E. **Suerte Atra Paspalum: Its management and utilization**. Gainesville: University of Florida, 1997a. 15p. *Florida Agricultural Experiment Station*, Circular S-397.
- KALMBACHER, R.S.; MULLAHEY J.J.; MARTIN F.G.; KRETSCHMER Jr.,A.E. Effect of clipping on yield and nutritive value of 'Suerte' *Paspalum atratum*. **Agronomy Journal**, Madison, v.89, n.2, p. 476-481, 1997b.
- KALMBACHER, R.S.; MARTIN, F.G.; KRETSCHMER Jr., A.E. Performance of cattle grazing pastures based on *Paspalum atratum* cv. Suerte. **Tropical Graslands**, St. Lucia, v.31, n.1, p.58-66, 1997c.
- KALMBACHER, R.S.; WEST, S.H.; MARTIN F.G. Seed dormancy and aging in Atra *Paspalum*. **Crop Science**, Madison, v.39, n.6, p. 1847-1852, 1999.
- KARIA, C.T.; ANDRADE, R.P. Avaliação preliminar de espécies forrageiras no Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados: perspectivas futuras. In: SIMPÓSIO SOBRE O CERRADO, 8., Brasília, 1996, **Anais**. Planaltina: EMBRAPA-CPAC, p.471-475. 1996.

- KELLY, A.M.; BASFORD, K.E. Pattern analysis in grassland and animal production systems. In: 'MANNETJE, L.; JONES, R.M. (eds.) **Field and laboratory methods for grassland and animal production research**. Wallingford: CAB, 2000, p. 9-28.
- KNIGHT, R. The measurement and interpretation of genotype-environment interactions. **Euphytica**, Dordrecht, v.19, n.2, p.225-235, 1970.
- KORNELIUS, R. **Diferentes épocas, métodos e densidades de plantio em *Paspalum atratum* (Gramineae), em condições de Cerrado**. Brasília: UnB, 1994. 50 p. (Trabalho final de graduação em Agronomia – Universidade de Brasília – Faculdade de Tecnologia – Departamento de Engenharia Agrônômica)
- LEE, C.K.; EAGLES, H.A.; CARADUS, J.R.; REED, K.F.M. Investigation of yield and persistence of white clover using cluster analysis. **Euphytica**, Dordrecht, v.72, n.3, p.219-224, 1994.
- LEITE, G.G.; FERNANDES, F.D. **Qualidade da forragem do capim *Paspalum atratum* cv. Pojuca**. Planaltina: EMBRAPA-CPAC, 1999, 4 p. (EMBRAPA-CPAC. Comunicado Técnico, 9).
- LIMA, R. R.; GONDIM, A. G. **Avaliação de forrageiras nativas especialmente do gênero *Paspalum***. Belém: Faculdade de Ciências Agrárias do Pará, 1982. 41p. (FCAP - Informe Técnico, 9).
- LIN, C.S.; BINNS, M.; R.; LEFKOVITCH, L.P. Stability analysis: where do we stand? **Crop Science**, Madison, v.26, n. 5, p. 894-900, 1986.
- LITTELL, R.C.; FREUND, R.J.; SPECTOR, P.C. **SAS System for linear models**. Third Edition, Cary, NC: SAS Institute Inc., 1993. 329 p.
- MACEDO, M.C.M. Pastagens nos ecossistemas Cerrados: pesquisa para o desenvolvimento sustentável. In: ANDRADE, R.P. de; BARCELLOS. A. de O.; ROCHA, C.M.C. da (Eds.) SIMPÓSIO SOBRE PASTAGENS NOS ECOSSISTEMAS BRASILEIROS, Brasília, 1995. **Anais**. Brasília: SBZ, 1995. p.28 - 62.
- MANLY, B.F. **Multivariate statistical methods: a primer**. London: Chapman & Hall, 1997. 215 p.
- MARASCHIN, G.E. A planta forrageira no sistema de produção: gramas batatais, forquilha e bahiagrass. In: PEIXOTO, A.M.; PEDREIRA, C.G.S.; MOURA, J.C.de; FARIA, V.P.de (EDS.) SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 17., 2000. **Anais**. Piracicaba: FEALQ, 2001. 2a. edição. p.285-332.
- MARTÍNEZ, M.; GONZÁLEZ, Y.; ALFONSO, A. *Paspalum* spp. **Pastos y Forrages**, Havana, v.8, n.2, p. 157-189, 1985

- MATTOS, H. B.; WERNER, J. C.; YAMADA, T. (Ed.) SIMPÓSIO SOBRE CALAGEM E ADUBAÇÃO DE PASTAGENS, 1., Nova Odessa, SP, 1985. **Anais**. Piracicaba: POTAFOS, 1986. 476 p.
- MILES, J.W.; VALLE, C.B. do. Germoplasma y mejoramiento genético de plantas forrajeras tropicales. In: CECATO, U.; SANTOS, G.T.; PRADO, I.N.; MOREIRA, I. (Eds.) SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE FORRAGICULTURA, 1994, Maringá. **Anais**. Maringá: EDUEM, 1994, p.119-139.
- NUNES, S.G.; BOOK, A.; PENTEADO, M.I. de O.; GOMES, D.T. **Brachiaria brizantha cv. Marandu**. 2a. ed. Campo Grande, MS: EMBRAPA-CNPGC, 1985. 31p. (EMBRAPA-CNPGC, Documentos, 21)
- OLIVEIRA, M. A. S.; GONÇALVES, C. A.; ALVES, P. M. P. **Brizantão, Tobiatã, Andropogon e Paspaluns nativos, novas opções de gramíneas no controle da cigarrinha das pastagens em Rondônia**. Porto Velho: UEPAE Porto Velho, 1984. 11p. (EMBRAPA-UEPAE Porto Velho. Comunicado Técnico, 33).
- OLIVEIRA, M.A.S.; ALVES, P.M.P. **Novas opções de gramíneas no controle da cigarrinha-das-pastagens em Rondônia**. Porto Velho: UEPAE Porto Velho, 1988. 18 p. (EMBRAPA-UEPAE Porto Velho. Boletim de Pesquisa, 9).
- ORAM, R.N. **Register of Australian herbage plant cultivars**. Third Edition, Melbourne:CSIRO, 1990. 304 p.
- PALADINES, O.M. **Evaluación y selección de germoplasma forrajero**. Santiago: Pontificia Universidad Católica de Chile, s.d.. 58 p.
- PIZARRO, E.A. (Ed.). RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992. **Memorias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992. p. 1-68 (CIAT - Documento de trabajo, 117).
- PIZARRO, E.A. Potencial forrajero del género *Paspalum*. **Pasturas Tropicales**, Cali, v. 22, n.1, p.38-46. 2000.
- PIZARRO, E.A. Novel grasses and legumes germplasm: advances and perspectives for tropical zones. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 19., São Pedro,SP, 2001. **Proceedings**. Piracicaba: FEALQ, 2001. p.93-100.
- PIZARRO, E.A.; CARVALHO, M.A. Cerrado: Introducción y evaluación agronómica de forrajeras tropicales. In: PIZARRO, E. A. (Ed.) RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992. **Memorias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992. p. 1-68 (CIAT - Documento de trabajo, 117).
- POTT, A. **As pastagens no pantanal**. Corumbá: EMBRAPA-CPAP, 1988. 58p. (EMBRAPA-CPAP. Documentos, 7).

- RAIJ, B. Van **Fertilidade do Solo e Adubação**. Piracicaba: CERES-POTAFÓS, 1991. 343p.
- REGITANO NETO, A.; BATISTA, L.A.R. Principal component analysis in *Paspalum* germplasm characterization. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 19., São Pedro, SP, 2001. **Proceedings**. Piracicaba: FEALQ, 2001. p.896-897.
- ROCHA, G. L. da. **Ecosistema de pastagens**: Aspectos dinâmicos. Piracicaba: FEALQ, 1991. 391p.
- RODRIGUES, L.R. de A. Espécies forrageiras para pastagens: gramíneas In: PEIXOTO, A.M.; MOURA, J.C. de; FARIA, V.P. de (Ed.) SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 8., Piracicaba, SP, 1986. **Anais**. Piracicaba: FEALQ, 1986. p. 375-388.
- RODRIGUES, L.R. de A.; QUADROS, D.G. de; RAMOS, A.K.B. Recuperação de pastagens degradadas. In: SIMPÓSIO PECUÁRIA 2000: PERSPECTIVAS PARA O NOVO MILÊNIO, 1., Pirassununga, 2000. **Anais**. Pirassununga: FZEA-USP. 2000 – CD-ROM. Área Produção de Bovinos em Pastagens
- SANTOS, C.A.F.; OLIVEIRA, C.A.V.; MENEZES, E.A. Seleção de descritores na caracterização e avaliação de germoplasma de guandu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.7., p.971-975, 1995.
- SANTOS FILHO, L.F. Seed production: perspective from the brazilian private sector. In: MILES, J.W.; MASS, B.L.; VALLE, C.B. do (Eds.) **Brachiaria : Biology, agronomy, and improvement**. Cali, Colômbia: CIAT; Campo Grande, Brasil: EMBRAPA-CNPQC, 1996. p. 141-146.
- SAS Institute Inc.. Statistical Analysis System. **SAS/STAT User's Guide**. Release 6.12 Edition. Cary, North Caroline: SAS Institute Inc., 1993. 889 p.
- SHULTZE-KRAFT, R.; 'tMANNETJE, L. Evaluation of species and cultivars. In: 'tMANNETJE, L.; JONES, R.M. (eds.) **Field and laboratory methods for grassland and animal production research**. Wallingford:CAB, 2000, p. 179-204.
- SILVA, D.J. **Análise de alimentos (métodos químicos e biológicos)**. 2^a. edição. Viçosa: Imprensa Universitária UFV, 1990. 165 p.
- SILVA, J.G.C. da Análise da adaptabilidade através de regressão linear segmentada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.4, p. 449-462, 1995.
- SILVA, J.G.C. da; BARRETO, J.N. An application of segmented linear regression to the study of genotype x environment interaction. **Biometrics**, v.41, n.4, p. 1093, 1985.
- SKERMAN, P.J.; RIVEROS, F. **Gramíneas tropicales**. Roma: FAO, 1992. 832 p. (Colección FAO: Producción y protección vegetal, 23)

- SOARES FILHO, C.V.; RODRIGUES, L.R.de A. Avaliação agrônômica do *Paspalum notatum* cv. Tifton-9 sob pastejo. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM "GRASSLAND ECOPHYSIOLOGY AND GRAZING ECOLOGY", Curitiba, 1999. **Proceedings** Curitiba: UFPR, 1999. P. 244-248.
- SOEST, P. J. Van. **Nutritional ecology of the ruminant**. Corvallis: O & B books, 1982. 374p.
- SOUZA, M.A. de; PIZARRO, E.A.; CARVALHO, M.A.; GROF, B.; SCHULZ, A.L. Avaliação agrônômica de gramíneas e leguminosas forrageiras em Planaltina, Distrito Federal, Brasília. In: PIZARRO, E. A. (Ed.) RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992. **Memorias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992. p. 159-167.
- SPAIN, J.M.; SALINAS, J.G. A reciclagem de nutrientes nas pastagens tropicais. In: CABALA-ROSAND, P. (Ed.) SIMPÓSIO SOBRE RECICLAGEM DE NUTRIENTES E AGRICULTURA DE BAIXOS INSUMOS NOS TRÓPICOS, Ilhéus, BA, 1984. **Anais**. Ilhéus: CEPLAC/SBCS, 1985. p. 259-300.
- STATSOFT Inc.. **STATISTICA for Windows** [Computer Program Manual]. Release 5.1. Tulsa, OK: StatSoft, Inc., 1996.
- 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, v.29, n.2, p.373-381, 2000.
- TCACENCO, F.A.; LANCE, G.N. Selection of morphological traits for characterisation of elephant grass accessions. **Tropical grasslands**, St. Lucia, v. 26, n.3, p.145-155, 1992.
- TERGAS, L.E.; SANCHÉZ, P.A. (Eds.) **Producción de pastos en suelos acidos de los tropicos**. Cali, Colombia: CIAT, 1979. 524p.
- TOLEDO, J.M. (Ed.) **Manual para la evaluación agronómica**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1982. 168 p.
- TYLLEY, J.M.A.; TERRY, R.A. A two-stage technique for the *in vitro* digestion of forage crops. **Journal of british grassland society**, v.18, n.2, p. 104-111, 1963.
- URBANI, M.H.; QUARÍN, C. **Pasto "Cambá FCA"**. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional del Nordeste. 1997. Folder.
- VALLE, C. B. do; MILES, J. F. Melhoramento de gramíneas do gênero *Brachiaria*. In: PEIXOTO, A.M.; MOURA, J.C. de; FARIA, V.P. de (Ed.) SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 11., Piracicaba, SP, 1994. **Anais**. Piracicaba: FEALQ, 1994. p. 1-24.

- VALLE, C.B. do. Genetic resources for tropical areas: achievements and perspectives. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 19., São Pedro, SP, 2001. **Proceedings**. Piracicaba: FEALQ, 2001. p.477-482.
- VALLE, C.B. do; SOUZA, F.H.D. de. Construindo novas cultivares de gramíneas forrageiras para os cerrados brasileiros. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 32., 1995, Brasília. **Anais**. Brasília : SBZ, 1995. p.3-7.
- VALLS, J.F.M. Origem do germoplasma de *Paspalum* disponível no Brasil para a área tropical. In: PIZARRO, E. A. (Ed.) RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992. **Memorias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992. p. 69-80 (CIAT - Documento de trabajo, 117).
- VALLS, J.F.M. Potencial de plantas forrageiras tropicais americanas. In: BUTOLO, J.E. (Ed.) SIMPÓSIO BRASILEIRO DE FORRAGEIRAS E PASTAGENS, Campinas, SP, 1994. **Anais**. Campinas: CBNA, 1994. p. 11-24.
- VALLS, J.F.M.; CORADIN, L. Recursos genéticos de plantas forrageiras nativas do Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE PRODUÇÃO ANIMAL, 3., Corumbá, 1986. **Anais**. Campinas: Fundação Cargill, 1986. p. 19-34.
- VALLS, J.F.M.; POZZOBON, M.T. Variação apresentada pelos principais grupos taxonômicos de *Paspalum* com interesse forrageiro no Brasil. In: SAVIDAN, Y.; ALCÂNTARA, P. B.; VALLS, J. F. M.; QUARÍN, C.; ALMEIDA, A. R. P. de (Ed.) ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO DO GÊNERO *Paspalum* Nova Odessa, SP, 1987. **Anais**. Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1987. p. 15-21.
- VEASEY, E.A.; GHISI, O.M.A.A.; BEISMANN, D.A.; OTSUK, I.P. Avaliação agronômica de leguminosas arbustivas. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, v. 56, n. 1, p. 1-13, 1999a.
- VEASEY, E.A.; WERNER, J.C.; COLOZZA, M.T.; FREITAS, J.C.T.de; LUCENA, M.A.C. de; BEISMAN, D.A.; GERDES, L. Avaliação de caracteres morfológicos, fenológicos e agronômicos em leguminosas forrageiras tropicais visando a produção de sementes. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, v.56, n.2,p. 109-125, 1999b.
- VEASEY, E.A.; SCHAMMASS, E.A.; VENCOVSKY, R.; MARTINS, P.S.; BANDEL, G. Germplasm characterization of *Sesbania* accessions based on multivariate analyses. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.48, n.1, p. 79-90, 2001.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 469p.

- VILELA, L.; SOARES, W.V.; SOUSA, D.M.G. de, MACEDO, M.C.M. **Calagem e adubação de pastagens na Região do Cerrado**. Planaltina: EMBRAPA-CPAC, 1998. 16 p. (EMBRAPA-CPAC. Circular Técnica, 37).
- VILELA, L.; SPAIN, J.M.; SOARES, W.V.; GOMIDE, C.C.C. Adaptação de gramíneas e leguminosas forrageiras a níveis de acidez e fósforo em um solo de cerrado. In: PIZARRO, E. A. (Ed.) RED INTERNACIONAL DE EVALUACIÓN DE PASTOS TROPICALES - REUNIÓN SABANAS, 1., Brasília, DF, 1992. **Memorias**. Cali, Brasília: CIAT, EMBRAPA-CPAC, 1992. p.431-438. (CIAT - Documento de trabajo, 117).
- WERNER, J. C. **Adubação de pastagens**. 2a. impressão. Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1986. 49p. (Instituto de Zootecnia. Boletim Técnico, 18).
- WERNER, J.C.; PAULINO, V.T.; CANTARELLA, H.; ANDRADE, N.O.; QUAGGIO, J.A. Forrageiras. In: VAN RAIJ, B.; CANTARELLA, H.; QUAGGIO, J.A.; FURLANI, A.M.C. (Eds.) **Recomendações de adubação e calagem para o Estado de São Paulo**. 2ª. ed. Campinas: Instituto Agrônomo/Fundação IAC, 1996. p. 261-273.

APÉNDICE

(Tabela 1-A Continuação)

Tabela 1-A. Relação dos acessos de *Paspalum* spp. (N=89) avaliados sob regime de cortes em duas condições de fertilização de plantio/formação num Latossolo Vermelho-Escuro da Região dos Cerrados. Planaltina-DF, 1991-1996. Nº BRA- número de registro no sistema nacional de pesquisa agropecuária. CPAC – Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados. Os acessos em **negrito** (N=5) representam testemunhas de outros gêneros (*Andropogon*, *Brachiaria* e *Panicum*). ND= informação não disponível. Acessos sublinhados ainda não possuem Nº BRA, sendo identificados pelo Nº do coletor. Coletores: V: José F. M. Valls; MS: Mário Sotter França-Dantas; BE: Desconhecido -

Nº BRA-	CPAC	SINÔNIMO	ESPÉCIE	Grupo Botânico	Município	Unidade da Federação ou Província	País ou Continente	Latitude S (00°00')	Longitude O (00°00')	Altitude (m)
000159	3136	GI-375-76	<i>P.regnelli</i> Mez	Virgata	ND	ND	ND	ND	ND	ND
003824	3265	V-8563	<i>P.guenoarum</i> Arechav.	Plicatula	Bela Vista	MS	Brasil	21°53'	56°19'	180
004120	3252	V-6891A	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Rio Pardo	RS	Brasil	30°13'	52°37'	100
005088	3715	V-8070	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Urubici	SC	Brasil	27°52'	49°47'	880
005819	3751	V-8165	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Lages	SC	Brasil	ND	ND	900
006572	3716	V-9813	<i>P.guenoarum</i> Arechav.	Plicatula	São Borja	RS	Brasil	28°55'	55°36'	270
006602	3718	V-9823	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Santo Ângelo	RS	Brasil	28°24'	54°18'	260
006611	3719	V-9827	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Santo Ângelo	RS	Brasil	28°22'	54°16'	240
006700	3774	V-9851	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Ciriaco	RS	Brasil	28°15'	51°52'	740
006718	3720	V-9852	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Lagoa Vermelha	RS	Brasil	28°17'	51°23'	780
008508	3721	V-4084	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Vacaria	RS	Brasil	28°08'	50°39'	910
008524	3723	V-4400	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Vacaria	RS	Brasil	28°20'	50°18'	880
008532	3724	V-4495	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Lages	SC	Brasil	27°57'	50°27'	950
008567	3725	V-4062	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Bom Jesus	RS	Brasil	28°40'	50°15'	1170
008613	3831	V-4515	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Curitibanos	SC	Brasil	27°19'	50°44'	800
008630	3832	D-155	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Lages	SC	Brasil	27°57'	50°27'	980
008648	3728	D-156	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Lages	SC	Brasil	27°57'	50°27'	980
008672	3729	D-160	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Vacaria	RS	Brasil	28°20'	50°18'	980
008681	3833	D-161	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Lages	SC	Brasil	27°57'	50°27'	900
008869	3731	V-4258	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Minas do Botiá	RS	Brasil	30°07'	51°58'	100
008877	3732	V-4273	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Encruzilhada Sul	RS	Brasil	30°13'	52°28'	50
008893	3733	V-4331	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	São Gabriel	RS	Brasil	30°19'	54°16'	160
008923	3735	V-4344	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	São Gabriel	RS	Brasil	30°24'	54°19'	140

Continua...

(Tabela 1-A Continuação)

Nº BRA-	CPAC	SINÔNIMO	ESPÉCIE	Grupo Botânico	Município	Unidade da Federação ou Província	País ou Continente	Latitude S (00°00')	Longitude O (00°00')	Altitude (m)
008940	3736	V-4347	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	São Gabriel	RS	Brasil	30°15'	54°32'	160
008958	3834	V-4368	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	São Gabriel	RS	Brasil	30°19'	54°16'	140
008974*	3737	V-4496	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Lages	SC	Brasil	27°57'	50°27'	910
008982*	3738	V-4497	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Lages	SC	Brasil	28°02'	50°33'	950
009016	3739	V-4617	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Santiago	RS	Brasil	29°48'	54°53'	470
009032*	3741	V-4644	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Itaqui	RS	Brasil	28°59'	55°18'	40
009083	3742	V-4741	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	São Sepé	RS	Brasil	29°00'	53°40'	250
009105	3743	V-4793	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Guaíba	RS	Brasil	30°06'	51°19'	30
009202	3744	EEA-174	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Guaíba	RS	Brasil	30°06'	51°19'	30
009229	3746	EEA-149	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Guaíba	RS	Brasil	30°06'	51°19'	30
009415	3747	V-8914	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Cáceres	MT	Brasil	16°06'	57°51'	290
cv. Pojuca 009610	3286	V-9880	<i>P.atratum</i> Swallen	Plicatula	Terenos	MS	Brasil	20°30'	54°49'	530
009652	3290	V-9899	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Miranda	MS	Brasil	20°18'	56°25'	160
009687	3293	V-9922	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Bella Vista	ND	Paraguai	22°23'	56°20'	200
009717	3836	D-158	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	ND	ND	Brasil	ND	ND	950
009784	3837	V-9981	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Rio Grande	RS	Brasil	32°07'	52°21'	15
010154	3303	V-10182	<i>Paspalum</i> sp.	Virgata	ND	SC	Brasil	26°22'	48°44'	15
010391	3748	V-10362	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Corumbá	MS	Brasil	19°00'	57°30'	100
010511	3749	V-10434	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Coxim	MS	Brasil	38°30'	54°50'	100
010537	3750	V-10452	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Cáceres	MT	Brasil	16°06'	57°51'	170
011053	3753	V-10654	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Sto A Missões	RS	Brasil	28°30'	55°14'	120
011207	3757	V-10701	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Santa Maria	RS	Brasil	29°49'	53°45'	150
011282	3761	V-10733	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Passo Fundo	RS	Brasil	28°14'	52°18'	680
011355	3762	V-10744	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Lagoa Vermelha	RS	Brasil	28°16'	51°18'	830
011479	3764	V-10791	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Bom Jesus	RS	Brasil	28°40'	50°15'	1170
011517	3766	V-10799	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Bom Jesus	RS	Brasil	28°40'	50°15'	1220
012424	3772	V-11691	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Acreúna	GO	Brasil	17°20'	50°20'	540
012483	3820	V-11739	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Pereira Barreto	SP	Brasil	20°04'	53°40'	320
012521	3773	V-11751	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Três Lagoas	MS	Brasil	20°46'	50°40'	400

Continua...

(Tabela 1-A Continuação)

Nº BRA-	CPAC	SINÔNIMO	ESPÉCIE	Grupo Botânico	Município	Unidade da Federação ou Província	País ou Continente	Latitude S (00°00')	Longitude O (00°00')	Altitude (m)
012556	3839	V-11789	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Campo Grande	MS	Brasil	22°25'	50°40'	500
012581	3824	V-11801	<i>P.intermedium</i> Munro ex Morong & Britton	ND	Caarapó	MS	Brasil	22°25'	54°41'	310
012599	3828	V-11802	<i>P.intermedium</i> Munro ex Morong & Britton	ND	Caarapó	MS	Brasil	22°25'	54°41'	310
012602	3830	V-11803	<i>P.arundinellum</i> Mez	Não determinado	ND	MS	Brasil	22°25'	54°41'	310
012645A	3819	V-11812	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Dourados	MS	Brasil	22°09'	54°50'	400
012645B	-	-	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	ND	ND	ND	ND	ND	ND
012661	3825	V-11819	<i>P.conspersum</i> Schrad.	Virgata	Ivinhema	MS	Brasil	ND	ND	200
012700	3816	V-11826	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Dourados	MS	Brasil	22°09'	54°50'	430
012734	3864	V-11830	<i>P.virgatum</i> L.	Virgata	Caarapó	MS	Brasil	ND	ND	400
012793	3863	V-11848	<i>P.conspersum</i> Schrad.	Virgata	Iguatemi	MS	Brasil	21°40'	55°48'	260
012823	3862	V-11855	<i>P.conspersum</i> Schrad.	Virgata	Iguatemi	MS	Brasil	21°40'	55°48'	230
012866	3777	V-11874	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Caarapó	MS	Brasil	22°25'	54°41'	570
012874	3818	V-11875	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Caarapó	MS	Brasil	22°25'	54°41'	570
012912	3778	V-11893	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Aral Moreira	MS	Brasil	22°30'	55°26'	720
012921	3826	V-11894	<i>Paspalum</i> sp.	Virgata	Aral Moreira	MS	Brasil	22°30'	55°26'	720
012939	3779	V-11898	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Aral Moreira	MS	Brasil	22°30'	55°26'	660
013102*	3782	V-11100	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Balsa Nova	PR	Brasil	25°27'	49°38'	1160
013111	13311	V-11101	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Balsa Nova	PR	Brasil	25°27'	49°38'	1160
013692	3790	V-11244	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Castro	PR	Brasil	25°53'	50°03'	1210
013927	13297	V-11288	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Ponta Grossa	PR	Brasil	25°08'	50°09'	820
013978*	3792	V-11293	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Ponta Grossa	PR	Brasil	25°08'	50°09'	820
014010*	3793	V-11303	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Ponta Grossa	PR	Brasil	25°08'	50°09'	940
014354	3796	V-11447	<i>P.plicatulum</i> Michx.	Plicatula	Palmas	PR	Brasil	26°31'	51°55'	1050
014630	3798	V-11551	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Curitibanos	SC	Brasil	27°19'	50°44'	820
014729	3853	V-11562	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Mandirituba	PR	Brasil	25°46'	49°18'	900
014826	3799	V-11604	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	João Pinheiro	MG	Brasil	17°44'	46°11'	850
014851	3800	V-11631	<i>P.guenoarum</i> Arechav.	Plicatula	João Pinheiro	MG	Brasil	17°44'	46°11'	630
014885*	3802	Sv-850	<i>Paspalum</i> sp.	Plicatula	Cachoeira de Goiás	GO	Brasil	16°44'	50°38'	500

Continua...

(Tabela 1-A Continuação)

Nº BRA-	CPAC	SINÔNIMO	ESPÉCIE	Grupo Botânico	Município	Unidade da Federação ou Província	País ou Continente	Latitude S (00°00')	Longitude O (00°00')	Altitude (m)
014907	3803	K-40811	<i>P.compressifolium</i> Swallen	Plicatula	Ponta Grossa	PR	Brasil	25°08'	50°09'	950
018996	3810	Pantaneiro	<i>P. atratum</i> Swallen	Plicatula	Miranda	MS	Brasil	20°18'	56°25'	ND
019470	3806	Q-3667	<i>P. notatum</i> Flügge	Notata	ND	Corrientes	Argentina	ND	ND	ND
<u>BE1 Hib apomítico</u>	3808	BE1 hib apo	<i>P. notatum</i> Flügge	Notata	Não se aplica	Não se aplica	Brasil	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica
<u>BE1 Hib sexual</u>	3860	BE1 hib sex	<i>P. notatum</i> Flügge	Notata	Não se aplica	Não se aplica	Brasil	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica
<u>MS-040</u>	3861	MS-040	<i>Paspalum</i> sp.	Não determinado	ND	ND	ND	ND	ND	ND
<u>V-11802/1</u>	3823	V-11802/1	<i>P.intermedium</i> Munro ex Morong & Britton	ND	MS	MS	Brasil	22°25'	54°41'	310
<u>V-11843</u>	3822	V-11843	<i>Paspalum</i> sp.	Não determinado	ND	ND	Brasil	ND	ND	ND
<u>V-11884</u>	3829	V-11884	<i>Paspalum</i> sp.	Virgata	ND	ND	Brasil	ND	ND	ND
Marandu	3099	Marandu	<i>brachiaria brizantha</i> (Hochst. ex A. Rich.) Stapf	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica	África	ND	ND	ND
003441	3409	CIAT 16315	<i>B.brizantha</i> (Hochst. ex A. Rich.) Stapf.	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica	África	ND	ND	ND
004391	3464	CIAT 16488	<i>B.brizantha</i> (Hochst. ex A. Rich.) Stapf.	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica	África	ND	ND	ND
Vencedor	8826	Vencedor	<i>Panicum maximum</i> Jacq.	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica	África	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica
Planaltina	Planaltina	Planaltina (CIAT 621)	<i>Andropogon gayanus</i> Kunth.	Não se aplica	Não se aplica	Não se aplica	África	ND	ND	ND

Continua...

(Tabela 2-A Continuação)

Tabela 2-A. Resumo da análise de variância e de contrastes para variáveis ligadas à fase de estabelecimento e à produção de forragem em uma coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros avaliada no âmbito dos Cerrados em duas condições de fertilidade inicial do solo.

Variável	Causa de Variação	GL	Quadrado Médio	Valor F	Prob > F
COB-EST92 - % de cobertura do solo ao final da fase de estabelecimento	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	350	2,247	0,1088
	Fertilidade Inicial	1	27.740	79,24	0,0124
	Genótipo	87	518	3,327	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	179	1,146	0,2244
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	6.099	39,143	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	803	5,154	0,0244
	Erro	173	155,81	-	-
MST-EST92 - Massa Seca Total parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da fase de estabelecimento (1992)	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	1.063.612	1,058	0,3498
	Fertilidade Inicial	1	187.541.895	176,33	0,0056
	Genótipo	87	11.026.662	10,97	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	2.493.925	2,481	0,0001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	202.322.951	201,274	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	36.950.596	36,759	0,0001
	Erro	145	1.005.211	-	-
MVS - SECA92 - Massa Seca Verde da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da estação seca 1992	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	430.457	0,913	0,4033
	Fertilidade Inicial	1	41.996.754	97,56	0,0101
	Genótipo	87	2.778.071	5,892	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	1.211.202	2,569	0,0001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	43.173.835	91,562	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	126.073	0,267	0,6058
	Erro	173	471.525	-	-
MSS - SECA92 - Massa Seca Senes-cida da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da estação seca 1992	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	128.182	0,557	0,5739
	Fertilidade Inicial	1	21.896.622	170,82	0,0058
	Genótipo	87	518.402	2,253	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	321.685	1,398	0,0321
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	2.553	0,011	0,9162
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	263.720	1,146	0,2859
	Erro	174	230.098	-	-

Continua...

(Tabela 2-A Continuação)

Variável	Causa de Variação	GL	Quadrado Médio	Valor F	Prob > F
	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	750.156	1,17	0,3129
MST - SECA92 - Fertilidade Inicial		1	3.108.708	4,14	0,1787
Massa Seca Total da Genótipo		87	4.360.465	6,8	0,0001
parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da estação seca 1992	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	853.097	1,33	0,0576
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	42.674.593	66,547	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	765.876	1,194	0,2760
	Erro	173	641.269	-	-
	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	312.545	1,984	0,1408
MST - SECA93 - Fertilidade Inicial		1	878.029	2,81	0,2357
Massa Seca Total da Genótipo		87	1.644.165	10,436	0,0001
parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da estação seca 1993	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	173.225	1,1	0,2984
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	3.548.210	22,522	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	36.525	0,232	0,6308
	Erro	168	157.547	-	-
	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	182.019	0,712	0,4921
MÉDIA SECAS - Média Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final das estações secas 1992 e 1993	Fertilidade Inicial	1	1.544.572	8,49	0,1004
	Genótipo	87	2.576.623	10,08	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	368.529	1,442	0,0225
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	17.493.221	68,435	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	110.009	0,43	0,5127
	Erro	167	255.616	-	-
	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	728.077	0,712	0,4921
SOMA SECAS - Soma Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final das estações secas 1992 e 1993	Fertilidade Inicial	1	6.178.288	8,49	0,1004
	Genótipo	87	10.306.494	10,08	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	1.474.116	1,442	0,0225
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	69.972.883	68,435	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	440.035	0,43	0,5127
	Erro	167	1.022.466	-	-
	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	613.455	0,912	0,4038
MST-REB45 - Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada em 45 dias de crescimento no início da estação chuvosa 1992/93	Fertilidade Inicial	1	138.684.846	226,07	0,0044
	Genótipo	87	5.337.791	7,932	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	1.484.541	2,206	0,0000
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	111.181.651	165,218	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	2.856.014	4,244	0,0409
	Erro	171	672.940	-	-

Continua...

(Tabela 2-A Continuação)

Variável	Causa de Variação	GL	Quadrado Médio	Valor F	Prob > F
MST - CHUVA92/93 - Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da estação chuvosa 1992/93	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	13.264.940	1,588	0,2074
	Fertilidade Inicial	1	1.508.844.673	113,75	0,0087
	Genótipo	87	143.771.358	17,21	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	25.643.974	3,07	0,0001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	3.396.182.723	406,534	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	199.532.969	23,885	0,0001
	Erro	171	8.353.992	-	-
MST - CHUVA93/94 - Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da estação chuvosa 1993/94	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	3.990.677	0,457	0,6340
	Fertilidade Inicial	1	70.516.153	17,67	0,0522
	Genótipo	87	164.322.961	18,819	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	12.834.465	1,47	0,0183
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	5.569.713.145	637,877	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	169.514.531	19,414	0,0000
	Erro	159	8.731.646	-	-
MÉDIA CHUVAS - Média Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final das estações chuvosas 1992/93 e 1993/94	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	4.104.398	0,591	0,5552
	Fertilidade Inicial	1	543.317.505	132,37	0,0075
	Genótipo	87	142.634.809	20,523	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	16.291.692	2,344	0,0001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	4.379.933.690	630,22	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	245.750.633	35,361	0,0001
	Erro	156	6.949.852	-	-
SOMA CHUVAS - Soma Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final das estações chuvosas 1992/93 e 1993/94	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	16.417.593	0,591	0,5552
	Fertilidade Inicial	1	2.173.270.019	132,37	0,0075
	Genótipo	87	570.539.235	20,523	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	87	65.166.769	2,344	0,0001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	17.519.734.761	630,22	0,0001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	983.002.531	35,361	0,0001
	Erro	156	27.799.409	-	-
MST- ACUM - Soma Massa Seca Total da parte aérea (>20 cm) acumulada ao final da fase de estabelecimento (1992), das estações secas (1992 e 1993) e das estações chuvosas (1992/93 e 1993/94)	Repetição(Fertilidade Inicial)	2	10.629.738	0,239	0,7880
	Fertilidade Inicial	1	3.146.931.339	296,05	0,0034
	Genótipo	87	737.869.825	16,57	0,0001
	Genótipo*Fertilidade Inicial	86	91.022.233	2,044	0,0002
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	NÃO ESTIMÁVEL	NÃO ESTIMÁVEL	NÃO ESTIMÁVEL
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	NÃO ESTIMÁVEL	NÃO ESTIMÁVEL	NÃO ESTIMÁVEL
	Erro	121	44.530.241	-	-

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Tabela 3-A Médias por acesso e por condição de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) e estatísticas descritivas e univariadas de variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=89) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores em negrito indicam as dez maiores ou menores (para MSS e % MSS) médias observadas para cada variável. Células vazias indicam acessos que não se estabeleceram (N=6). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis

Genótipo/Variável	COB-EST92 (%)			MST-EST92 (kg/ha)			MVS-SECA92 (kg/ha)			MSS-SECA92 (kg/ha)		
	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
000159	35	65	50	1.103	3.130	2.454	351	1.833	1.092	1.810	325	1.068
003824	48	45	46	1.959	4.506	3.232	781	1.267	1.024	2.746	890	1.818
<u>004120</u>	28	53	40	1.030	2.727	1.878	157	138	147	498	266	382
<u>005088</u>	43	30	36	0	0	0	16	9	13	318	167	242
005819	49	55	52	3.006	4.187	3.597	105	59	82	692	564	628
006572	43	70	56	1.471	4.263	2.867	876	1.899	1.387	1.900	688	1.294
006602	48	55	51	2.557	6.845	4.701	710	352	531	371	829	600
<u>006611</u>	25	55	40	0	2.533	1.689	1.470	2.311	1.891	1.227	1.520	1.374
<u>006700</u>	35	30	33	0	0	0	640	157	398	684	853	768
<u>006718</u>	15	43	29	0	0	0	54	165	110	359	76	217
<u>008508</u>	25	43	34	0	2.171	1.086	771	231	501	353	663	508
<u>008524</u>	38	45	41	0	0	0	689	214	452	340	485	412
<u>008532</u>	35	38	36	0	0	0	1.047	785	916	921	943	932
<u>008567</u>	33	53	43	0	2.158	1.438	577	500	538	492	498	495
008613	63	70	66	3.519	4.868	4.193	1.143	1.144	1.144	586	538	562
008630	40	53	46	3.137	4.607	3.872	764	1.529	1.147	1.031	322	676
<u>008648</u>	23	25	24	0	0	0	186	248	217	208	87	147
<u>008672</u>	25	30	28	0	0	0	59	130	94	370	369	369
<u>008681</u>	20	58	39	0	0	0	102	209	155	346	106	226
<u>008869</u>	43	55	49	1.814	2.880	2.347	67	225	146	923	467	695
<u>008877</u>	30	40	35	1.612	2.740	2.176	189	338	263	1.213	397	805
<u>008893</u>	43	48	45	2.232	1.873	2.053	91	123	107	628	443	536
008923	23	53	38	0	0	0	128	771	449	721	55	388
008940	25	53	39	0	3.009	2.006	440	513	477	422	625	524
<u>008958</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008974*</u>	25	45	35	0	0	0	900	1.453	1.176	1.368	594	981
<u>008982*</u>	30	55	43	1.148	4.085	3.106	132	147	140	695	651	673
<u>009016</u>	45	48	46	1.667	3.216	2.442	109	149	129	555	356	455
<u>009032*</u>	40	40	40	1.442	3.825	3.031	319	452	385	780	457	619
<u>009083</u>	40	60	50	1.619	3.974	2.796	233	161	197	519	268	394
<u>009105</u>	63	78	70	2.191	4.471	3.331	874	1.091	983	1.163	876	1.019
<u>009202</u>	38	43	40	1.601	1.245	1.423	493	170	332	613	591	602
<u>009229</u>	30	25	28	0	0	0	101	81	91	540	727	634
009415	40	65	53	2.589	6.128	4.359	96	119	107	1.237	493	865
cv. Pojuca 009610	40	60	50	2.257	5.952	4.104	769	2.246	1.507	1.860	364	1.112
009652	48	65	56	2.390	7.361	4.875	795	1.299	1.047	1.318	649	984
009687	50	70	60	2.873	6.250	4.562	292	576	434	931	212	571
<u>009717</u>	38	63	50	1.657	3.472	2.565	86	340	213	1.425	587	1.006
<u>009784</u>	35	50	43	1.497	3.085	2.555	288	276	282	401	434	418
010154	20	35	28	1.246	1.741	1.493	338	1.057	698	753	210	481
010391	53	78	65	2.230	4.185	3.207	346	319	333	465	221	343

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	COB-EST92 (%)			MST-EST92 (kg/ha)			MVS-SECA92 (kg/ha)			MSS-SECA92 (kg/ha)		
	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
010511	33	38	35	1.766	4.185	2.976	783	1.298	1.040	1.066	365	715
010537	45	65	55	2.125	4.971	3.548	84	50	67	1.043	607	825
<u>011053</u>	40	63	51	1.644	4.936	3.290	633	1.634	1.134	1.768	429	1.098
<u>011207</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011282</u>	53	50	51	1.603	1.992	1.798	286	52	169	598	417	508
<u>011355</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011479</u>	30	43	36	0	0	0	11	41	26	361	104	232
<u>011517</u>	30	58	44	0	0	0	15	28	22	365	68	217
012424	28	53	40	0	0	0	449	1.705	1.077	2.553	379	1.466
012483	35	45	40	1.949	2.542	2.246	1.108	2.339	1.723	1.496	564	1.030
012521	33	50	41	1.676	3.491	2.886	480	1.043	761	737	130	434
012556	38	50	44	1.584	3.291	2.438	933	1.246	1.090	934	341	638
012581	20	23	21	0	0	0	1.416	2.849	2.132	1.243	784	1.014
<u>012599</u>	5	23	14	0	0	0	718	2.275	1.496	2.532	588	1.560
012602	33	40	36	1.504	5.131	3.318	1.446	4.902	3.174	1.636	172	904
012645A	35	65	50	2.154	4.304	3.229	399	2.260	1.329	1.121	600	861
012645B	25	65	45	0	3.521	2.347	765	2.091	1.428	1.141	129	635
012661	18	40	29	0	2.276	1.518	710	2.298	1.504	1.279	412	846
012700	48	58	53	2.130	2.997	2.563	1.856	2.117	1.986	814	924	869
012734	28	85	56	1.555	4.564	3.561	622	2.842	1.732	533	266	400
012793	28	60	44	1.376	4.506	3.463	2.035	3.560	2.798	940	1.054	997
012823	23	45	34	0	2.269	1.513	1.003	2.207	1.605	1.369	306	837
012866	25	48	36	0	0	0	1.058	2.584	1.821	1.737	674	1.205
012874	20	40	30	0	0	0	977	1.721	1.349	1.030	669	849
012912	28	60	44	1.452	2.035	1.841	142	759	450	455	141	298
012921	28	75	51	1.338	5.986	4.437	527	4.016	2.271	1.089	101	595
012939	38	68	53	2.345	4.847	3.596	627	1.383	1.005	1.008	359	684
<u>013102*</u>	20	38	29	0	0	0	232	761	497	677	276	477
<u>013111</u>	35	73	54	1.739	4.506	3.123	423	724	573	861	648	754
<u>013692</u>	30	30	30	0	0	0	8	37	22	1.492	958	1.225
013927	35	68	51	1.056	3.824	2.901	1.343	4.228	2.304	1.491	767	1.129
<u>013978*</u>	25	40	33	1.258	2.062	1.660	391	1.052	721	1.097	455	776
<u>014010*</u>	30	30	30	0	0	0	916	1.522	1.219	1.388	696	1.042
<u>014354</u>	35	43	39	1.789	2.002	1.895	472	197	334	490	565	527
<u>014630</u>	28	33	30	0	0	0	62	9	36	51	292	171
<u>014729</u>	40	55	48	1.297	2.400	1.849	100	59	79	37	76	56
<u>014826</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
014851	50	73	61	2.858	5.035	3.947	1.369	2.315	1.842	1.600	832	1.216
<u>014885*</u>	43	50	46	0	0	0	362	545	453	811	543	677
<u>014907</u>	25	30	28	0	0	0	356	284	320	874	524	699
018996	40	60	50	2.537	6.526	4.531	681	1.715	1.198	1.507	396	952
<u>019470</u>	15	25	20	0	0	0	48	381	215	35	6	20
<u>BE1 Hib apomítico</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>BE1 Hib sexual</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MS-040	33	50	41	1.909	2.997	2.453	1.204	2.093	1.649	770	286	528
V-11802/1	33	55	44	1.745	2.843	2.477	1.332	2.849	2.091	1.267	798	1.033
V-11843	33	60	46	1.299	3.265	2.610	1.143	2.295	1.719	1.253	827	1.040
V-11884	15	60	38	0	0	0	535	3.308	1.922	2.893	278	1.585

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	COB-EST92 (%)			MST-EST92 (kg/ha)			MVS-SECA92 (kg/ha)			MSS-SECA92 (kg/ha)		
	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
Nº BRA-/ Fertilidade Inicial												
B.b. cv. Marandu	38	88	63	2.310	9.249	5.780	393	4.787	2.590	664	154	409
B.b. 003441	40	48	44	3.581	3.614	3.598	2.398	2.889	2.644	927	820	873
B.b. 004391	53	72	62	4.200	4.766	4.483	2.205	2.431	2.318	634	587	610
P.m. cv. Vencedor	38	83	60	2.027	8.157	5.092	322	6.798	3.560	1.126	16	571
A.g. cv. Planaltina	63	83	73	4.013	9.520	6.766	703	906	804	1.407	832	1.119
<i>Coleção (N=88)</i>												
Média	34	52	43	1.246	2.842	2.127	610	1.302	950	977	478	728
Mínimo	5	23	14	0	0	0	8	9	13	35	6	20
Máximo	63	88	73	4.200	9.520	6.766	2.398	6.798	3.560	2.893	1.520	1.818
Desvio Padrão	11	15	11	1.121	2.360	1.682	517	1.318	825	580	281	358
<i>Paspalum (N=83)</i>												
Média	34	51	42	1.127	2.588	1.945	574	1.166	864	979	478	728
Mínimo	5	23	14	0	0	0	8	9	13	35	6	20
Percentil 25	25	40	35	0	0	0	150	203	214	526	277	479
Percentil 75	40	60	50	1.801	4.225	3.165	835	1.995	1.368	1.273	650	990
Máximo	63	85	70	3.519	7.361	4.875	2.035	4.902	3.174	2.893	1.520	1.818
Desvio Padrão	11	14	11	1.016	2.101	1.532	460	1.125	737	593	277	363
<i>Demais Gêneros (N=5)</i>												
Média	46	74	60	3.226	7.061	5.144	1.204	3.562	2.383	951	482	717
Mínimo	38	48	44	2.027	3.614	3.598	322	906	804	634	16	409
Máximo	63	88	73	4.200	9.520	6.766	2.398	6.798	3.560	1.407	832	1.119
Desvio Padrão	10	14	9	891	2.416	1.083	907	2.037	894	290	338	251
Fertilidade Inicial (Prob>F)	0,0124			0,0056			0,0101			0,0058		
Genótipo (Prob>F)	0,0001			0,0001			0,0001			0,0001		
Genótipo*Fertilidade Inicial (Prob>F)	0,2244			0,0001			0,0001			0,0321		
Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp. (Prob>F)	0,0244			0,0001			0,6058			0,2859		
Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros (Prob>F)	0,0001			0,0001			0,0001			0,9162		
Erro Padrão Diferenças Fertilidade	0,9			76			52			36		
DMS Fertilidade (Tukey 0,05; 1; 2)	5,7			460			315			220		
DMS Fertilidade (Tukey 0,01; 1; 2)	13,2			1.061			726			507		
Erro Padrão Diferenças Genótipos	6,2			501			343			240		
DMS Genótipos (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)	38			3.087			2.106			1.471		
DMS Genótipos (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)	42			3.403			2.318			1.619		
Erro Padrão Diferenças Genótipo dentro de Fertilidade	8,8			709			486			339		
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)	54			4.366			2.978			2.080		
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)	60			4.813			3.278			2.290		
CV Experimental (Erro) (%)	29			48			73			66		
Desvio Padrão Genotípico da Coleção (Pela Estimativa dos QMédios)	19			3.166			1.519			537		

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Tabela 3-A Médias por acesso e por condição de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) e estatísticas descritivas e univariadas de variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=89) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores em negrito indicam as dez maiores ou menores (para MSS e % MSS) médias observadas para cada variável. Células vazias indicam acessos que não se estabeleceram (N=6). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis

Genótipo/Variável	MST-SECA92 (kg/ha)			% MSS-SECA92			MST-SECA93 (kg/ha)			MST-SECA92+SECA93 (kg/ha)		
	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
000159	2.161	2.158	2.160	85	16	51	359	841	600	2.521	2.999	2.760
003824	3.527	2.157	2.842	76	40	58	637	440	538	4.164	2.597	3.381
<u>004120</u>	655	403	529	77	56	67	164	0	82	819	403	611
<u>005088</u>	334	176	255	50	94	72	0	0	0	334	176	255
005819	798	623	710	84	86	85	0	0	0	798	878	824
006572	2.776	2.586	2.681	69	26	48	1.071	712	891	3.846	3.298	3.572
006602	1.080	1.181	1.131	36	77	56	603	462	533	1.683	1.644	1.664
<u>006611</u>	2.698	3.831	3.264	49	39	44	1.505	2.653	2.079	4.203	6.483	5.343
<u>006700</u>	1.323	1.010	1.167	46	83	64	558	111	334	1.882	1.121	1.501
<u>006718</u>	413	240	327	87	35	61	141	66	104	555	307	431
<u>008508</u>	1.124	894	1.009	31	79	55	470	200	335	1.593	1.094	1.344
<u>008524</u>	1.029	699	864	29	80	54	477	187	332	1.506	886	1.196
<u>008532</u>	1.968	1.728	1.848	42	54	48	342	349	346	2.310	2.076	2.193
<u>008567</u>	1.068	998	1.033	46	53	50	613	137	375	1.682	1.135	1.408
008613	1.729	1.683	1.706	34	32	33	679	947	813	2.408	2.630	2.519
008630	1.795	1.851	1.823	56	17	37	927	1.199	1.063	2.722	3.050	2.886
<u>008648</u>	394	335	364	61	24	43	361	160	227	1.007	494	665
<u>008672</u>	428	499	463	50	50	50	0	0	0	428	499	463
<u>008681</u>	448	315	381	76	35	55	125	99	112	573	414	494
<u>008869</u>	990	691	840	92	70	81	291	90	191	1.281	781	1.031
<u>008877</u>	1.401	734	1.068	77	57	67	184	0	92	1.586	734	1.160
<u>008893</u>	719	566	643	89	86	87	557	251	404	1.277	817	1.047
008923	848	825	837	86	8	47	443	510	477	1.292	1.335	1.313
008940	863	1.139	1.001	57	44	50	439	284	362	1.302	1.423	1.362
<u>008958</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008974*</u>	2.268	2.047	2.157	64	27	45	580	775	678	2.848	2.822	2.835
<u>008982*</u>	827	798	813	85	81	83	732	338	535	1.560	1.136	1.348
<u>009016</u>	664	505	584	79	73	76	277	44	160	941	548	744
<u>009032*</u>	1.099	909	1.004	70	50	60	501	553	527	1.600	1.462	1.531
<u>009083</u>	752	429	590	71	55	63	251	60	156	1.002	489	746
<u>009105</u>	2.037	1.967	2.002	57	44	51	632	181	406	2.669	2.148	2.408
<u>009202</u>	1.106	761	933	47	73	60	194	142	168	1.300	903	1.101
<u>009229</u>	642	808	725	83	90	87	34	0	17	675	808	742
009415	1.333	611	972	93	80	86	0	0	0	1.333	611	972
cv. Pojuca 009610	2.629	2.609	2.619	70	15	42	744	431	588	3.373	3.040	3.207
009652	2.113	1.948	2.030	61	35	48	428	810	619	2.541	2.758	2.649
009687	1.222	788	1.005	76	26	51	309	318	313	1.531	1.106	1.318
<u>009717</u>	1.510	927	1.219	94	64	79	297	866	582	1.807	1.793	1.800
<u>009784</u>	689	710	699	57	61	59	413	471	442	1.102	1.181	1.142
010154	1.091	1.267	1.179	71	19	45	282	678	480	1.373	1.944	1.659
010391	812	540	676	57	41	49	330	50	190	1.142	590	866

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	MST-SECA92 (kg/ha)			% MSS-SECA92			MST-SECA93 (kg/ha)			MST-SECA92+SECA93 (kg/ha)		
	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
010511	1.848	1.663	1.755	60	21	41	792	551	671	2.640	2.214	2.427
010537	1.127	657	892	91	89	90	415	362	379	1.279	1.019	1.106
011053	2.400	2.063	2.232	74	21	47	566	161	363	2.966	2.224	2.595
011207	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
011282	884	469	677	60	75	68	225	184	205	1.110	654	882
011355	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
011479	372	144	258	98	46	72	0	0	0	372	144	258
011517	380	96	238	95	74	85	0	0	0	380	96	238
012424	3.001	2.083	2.542	85	19	52	714	963	838	3.715	3.047	3.381
012483	2.603	2.903	2.753	57	19	38	1.293	1.964	1.628	3.897	4.867	4.382
012521	1.217	1.173	1.195	61	12	36	476	825	650	1.693	1.998	1.845
012556	1.868	1.587	1.727	50	22	36	1.029	1.309	1.169	2.897	2.896	2.896
012581	2.658	3.633	3.146	49	24	36	1.137	1.306	1.221	3.795	4.940	4.367
012599	3.249	2.863	3.056	69	32	51	896	1.405	1.235	4.145	4.268	4.790
012602	3.082	5.073	4.077	53	3	28	1.924	2.595	2.259	5.006	7.668	6.337
012645A	1.520	2.860	2.190	69	29	49	577	1.455	1.016	2.097	4.315	3.206
012645B	1.906	2.219	2.063	56	7	32	1.747	1.728	1.738	3.653	3.948	3.800
012661	1.990	2.710	2.350	68	14	41	671	1.266	969	2.661	3.977	3.319
012700	2.669	3.040	2.855	24	35	29	1.564	1.823	1.693	4.233	4.863	4.548
012734	1.155	3.108	2.132	38	9	23	464	1.609	1.037	1.619	4.718	3.168
012793	2.975	4.614	3.795	40	22	31	1.891	2.477	2.184	4.866	7.092	5.979
012823	2.371	2.513	2.442	57	13	35	619	863	741	2.990	3.376	3.183
012866	2.795	3.258	3.027	67	17	42	1.677	1.209	1.443	4.472	4.467	4.469
012874	2.007	2.390	2.198	51	28	39	1.925	1.982	1.953	3.931	4.372	4.152
012912	597	900	749	76	16	46	432	657	545	1.030	1.557	1.293
012921	1.616	4.117	2.867	67	3	35	1.489	2.759	2.124	3.105	6.876	4.991
012939	1.636	1.742	1.689	61	21	41	640	1.340	990	2.276	3.082	2.679
013102*	909	1.038	973	75	33	54	486	386	436	1.395	1.423	1.409
013111	1.284	1.371	1.328	58	58	58	241	115	178	1.525	1.486	1.506
013692	1.499	995	1.247	99	97	98	0	0	0	1.499	995	1.247
013927	2.833	4.501	3.389	55	6	39	1.731	2.219	1.975	4.564	6.879	5.336
013978*	1.487	1.507	1.497	68	36	52	1.303	1.595	1.449	2.790	3.101	2.946
014010*	2.305	2.218	2.261	60	31	46	2.019	1.415	1.717	4.324	3.632	3.978
014354	962	762	862	47	78	62	836	469	652	1.798	1.230	1.514
014630	113	301	207	29	97	63	275	111	193	388	412	400
014729	136	135	135	27	49	38	166	95	130	302	229	266
014826	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
014851	2.969	3.147	3.058	55	26	41	702	863	783	3.671	4.010	3.840
014885*	1.172	1.087	1.130	67	46	56	417	288	374	1.589	1.220	1.466
014907	1.229	808	1.019	71	62	67	524	182	353	1.753	990	1.371
018996	2.188	2.111	2.149	72	18	45	461	509	485	2.649	2.619	2.634
019470	83	387	235	39	1	20	0	150	75	83	537	310
BE1 Hib apomítico	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BE1 Hib sexual	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MS-040	1.974	2.380	2.177	37	19	28	924	1.284	1.104	2.898	3.664	3.281
V-11802/1	2.600	3.647	3.123	49	23	36	2.417	2.723	2.570	5.016	6.370	5.693
V-11843	2.396	3.122	2.759	52	25	39	1.457	1.076	1.266	3.853	4.198	4.025
V-11884	3.428	3.586	3.507	79	7	43	1.544	3.104	2.324	4.972	6.690	5.831

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	MST-SECA92 (kg/ha)			% MSS-SECA92			MST-SECA93 (kg/ha)			MST-SECA92+SECA93 (kg/ha)		
	Nº BRA-/ Fertilidade Inicial	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior
B.b. cv. Marandu	1.057	4.941	2.999	63	3	33	972	1.438	1.205	2.029	6.379	4.204
B.b. 003441	3.325	3.709	3.517	27	36	31	1.013	808	910	4.338	4.517	4.428
B.b. 004391	2.839	3.018	2.929	25	33	29	1.418	1.311	1.364	4.257	4.329	4.293
P.m. cv. Vencedor	1.448	6.814	4.131	77	0	39	845	1.849	1.347	2.293	8.663	5.478
A.g. cv. Planaltina	2.110	1.738	1.924	67	48	57	727	1.100	914	2.837	2.838	2.837
Coleção (N=88)												
Média	1.587	1.774	1.677	62	41	52	689	787	739	2.275	2.565	2.421
Mínimo	83	96	135	24	0	20	0	0	0	83	96	238
Máximo	3.527	6.814	4.131	99	97	98	2.417	3.104	2.570	5.016	8.663	6.337
Desvio Padrão	887	1.350	1.039	19	27	17	552	778	642	1.329	2.040	1.614
Paspalum (N=83)												
Média	1.552	1.638	1.592	63	42	52	670	756	714	2.222	2.397	2.311
Mínimo	83	96	135	24	1	20	0	0	0	83	96	238
Percentil 25	856	704	825	50	20	41	287	139	199	1.280	882	1.103
Percentil 75	2.228	2.385	2.246	76	61	62	866	1.237	1.027	3.048	3.504	3.300
Máximo	3.527	5.073	4.077	99	97	98	2.417	3.104	2.570	5.016	7.668	6.337
Desvio Padrão	878	1.193	992	18	27	17	560	786	651	1.329	1.917	1.583
Demais Gêneros (N=5)												
Média	2.156	4.044	3.100	52	24	38	995	1.301	1.148	3.151	5.345	4.248
Mínimo	1.057	1.738	1.924	25	0	29	727	808	910	2.029	2.838	2.837
Máximo	3.325	6.814	4.131	77	48	57	1.418	1.849	1.364	4.338	8.663	5.478
Desvio Padrão	842	1.730	729	22	19	10	234	347	201	972	2.004	841
Fertilidade Inicial (Prob>F)	0,1787			-			0,2357			0,1004		
Genótipo (Prob>F)	0,0001			-			0,0001			0,0001		
Genótipo*Fertilidade Inicial (Prob>F)	0,0576			-			0,2984			0,0225		
Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp. (Prob>F)	0,2760			-			0,6308			0,5127		
Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros (Prob>F)	0,0001			-			0,0001			0,0001		
Erro Padrão Diferenças Fertilidade	60			-			30			76		
DMS Fertilidade (Tukey 0,05; 1; 2)	367			-			182			464		
DMS Fertilidade (Tukey 0,01; 1; 2)	847			-			420			1.070		
Erro Padrão Diferenças Genótipos	400			-			198			506		
DMS Genótipos (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)	2.456			-			1.218			3.103		
DMS Genótipos (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)	2.703			-			1.341			3.417		
Erro Padrão Diferenças Genótipo dentro de Fertilidade	566			-			281			715		
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)	3.473			-			1.723			4.389		
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)	3.823			-			1.897			4.833		
CV Experimental (Erro) (%)	48			-			53			42		
Desvio Padrão Genotípico da Coleção (Pela Estimativa dos QMédios)	1.929			-			1.219			3.047		

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Tabela 3-A Médias por acesso e por condição de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) e estatísticas descritivas e univariadas de variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=89) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores em negrito indicam as dez maiores ou menores (para MSS e % MSS) médias observadas para cada variável. Células vazias indicam acessos que não se estabeleceram (N=6). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis

Genótipo/Variável	MST-REB45 (kg/ha)			MST-CHUVA92/93 (kg/ha)			MST-CHUVA93/94 (kg/ha)			MST-CHUVA92/93+MST-CHUVA93/94 (kg/ha)		
	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
000159	889	3.645	2.267	7.240	14.288	10.764	4.924	8.264	6.594	12.163	22.552	17.358
003824	2.511	5.412	3.962	13.951	20.721	17.336	9.162	12.027	10.595	23.113	32.748	27.931
<u>004120</u>	478	1.645	1.061	3.110	5.100	4.105	1.480	0	740	4.591	5.100	4.845
<u>005088</u>	318	290	304	1.936	1.815	1.875	1.000	1.044	1.014	2.936	3.297	3.056
005819	1.324	1.448	1.386	10.279	12.783	11.531	10.613	10.823	10.718	20.892	23.606	22.249
006572	2.180	3.959	3.069	11.433	15.382	13.408	6.571	7.801	7.186	18.004	23.184	20.594
006602	1.868	1.619	1.744	7.653	4.845	6.249	6.077	3.496	4.787	13.730	8.340	11.035
<u>006611</u>	1.014	3.115	2.064	4.505	12.028	8.266	4.734	8.672	6.703	9.239	20.700	14.970
<u>006700</u>	1.011	521	766	4.546	1.543	3.044	0	0	0	4.546	1.543	3.044
<u>006718</u>	272	663	467	2.666	2.605	2.635	708	0	354	3.373	2.605	2.989
<u>008508</u>	976	2.008	1.492	5.263	6.092	5.678	4.745	158	2.451	10.007	6.251	8.129
<u>008524</u>	894	1.533	1.214	4.051	4.474	4.262	4.031	2.670	3.578	8.082	5.937	7.367
<u>008532</u>	1.315	1.532	1.423	5.690	6.658	6.174	2.055	6.904	3.671	7.745	14.574	10.021
<u>008567</u>	746	1.546	1.146	3.045	5.309	4.177	5.071	2.037	3.554	8.116	7.346	7.731
008613	1.971	3.281	2.626	11.476	14.220	12.848	9.924	12.531	11.228	21.400	26.751	24.076
008630	1.711	4.096	2.903	12.498	19.872	16.185	11.208	10.661	10.935	23.706	30.534	27.120
<u>008648</u>	263	1.535	899	2.426	4.172	3.299	1.307	1.747	1.454	3.733	5.243	4.236
<u>008672</u>	0	0	0	1.427	954	1.269	0	0	0	1.427	954	1.269
<u>008681</u>	424	1.127	776	2.412	3.297	2.854	1.742	511	1.332	4.153	3.932	4.079
<u>008869</u>	362	1.121	741	2.817	5.303	4.060	1.487	88	787	4.304	5.391	4.847
<u>008877</u>	591	1.470	1.031	3.220	3.686	3.453	1.697	0	849	4.917	3.686	4.302
<u>008893</u>	426	770	598	2.837	4.630	3.733	3.152	315	1.733	5.989	4.944	5.467
008923	338	1.134	736	2.614	4.660	3.637	3.321	1.667	2.494	5.935	6.328	6.131
008940	293	1.472	883	1.877	5.195	3.536	2.432	3.873	3.153	4.309	9.068	6.688
<u>008958</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008974*</u>	900	2.844	1.872	3.422	7.862	5.642	5.539	2.149	4.409	8.961	9.396	9.106
<u>008982*</u>	866	1.162	1.014	5.041	5.551	5.296	7.905	6.122	7.013	12.946	11.673	12.310
<u>009016</u>	616	947	782	2.823	2.982	2.902	2.680	3.677	3.012	5.503	8.656	6.554
<u>009032*</u>	682	1.994	1.338	4.303	9.219	6.761	5.504	7.160	6.332	9.807	16.379	13.093
<u>009083</u>	810	892	851	4.333	2.918	3.626	2.644	0	1.322	6.978	2.918	4.948
<u>009105</u>	1.404	2.741	2.073	7.780	9.721	8.750	3.766	0	1.883	11.545	9.721	10.633
<u>009202</u>	887	1.085	986	4.488	4.207	4.347	3.037	0	1.518	7.524	4.207	5.866
<u>009229</u>	410	436	423	1.688	1.840	1.764	0	0	0	2.201	1.840	1.961
009415	1.500	2.938	2.219	9.661	16.869	13.265	3.639	9.166	6.403	13.301	26.035	19.668
cv. Pojuca 009610	2.238	4.301	3.270	12.312	24.140	18.226	14.266	12.794	13.530	26.578	36.934	31.756
009652	1.755	3.809	2.440	12.289	21.772	15.450	10.886	14.487	12.687	23.175	44.276	30.208
009687	1.519	3.402	2.461	8.390	14.508	11.449	8.363	12.561	10.462	16.753	27.069	21.911
<u>009717</u>	417	1.465	941	2.985	6.219	4.602	2.454	3.739	2.883	5.439	10.568	7.149
<u>009784</u>	646	1.400	1.023	3.728	5.784	4.756	4.856	4.503	4.680	8.584	10.287	9.436
010154	579	1.212	895	2.855	7.296	5.076	1.161	6.260	3.710	4.016	13.556	8.786
010391	1.248	1.222	1.235	6.974	5.397	6.186	5.466	0	2.733	12.440	5.397	8.919

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	MST-REB45 (kg/ha)			MST-CHUVA92/93 (kg/ha)			MST-CHUVA93/94 (kg/ha)			MST-CHUVA92/93+MST-CHUVA93/94 (kg/ha)		
	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
010511	1.682	2.526	2.104	9.530	14.887	12.209	9.608	9.439	9.524	19.139	24.326	21.732
010537	1.253	3.187	2.220	9.240	17.740	13.490	9.496	9.964	9.730	18.736	27.704	23.220
<u>011053</u>	1.150	2.093	1.621	6.889	8.893	7.891	6.355	2.977	5.229	13.244	12.359	12.949
<u>011207</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011282</u>	786	706	746	3.195	2.444	2.819	1.457	0	728	4.652	2.444	3.548
<u>011355</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011479</u>	63	419	241	1.124	1.472	1.298	0	0	0	1.124	1.472	1.298
<u>011517</u>	210	606	342	1.142	1.923	1.402	0	0	0	1.142	1.923	1.402
012424	789	3.277	2.033	4.605	18.090	11.348	4.582	8.762	6.672	9.187	26.852	18.020
012483	1.941	3.841	2.891	10.817	20.106	15.462	9.842	14.240	12.041	20.660	34.346	27.503
012521	1.405	3.128	2.267	5.529	9.074	7.302	5.673	7.813	6.743	11.203	16.887	14.045
012556	2.065	3.453	2.759	9.143	13.119	11.131	8.768	5.721	7.244	17.910	18.840	18.375
012581	1.716	2.553	2.134	12.535	17.740	15.138	9.026	14.260	11.643	21.562	32.000	26.781
<u>012599</u>	573	743	658	573	743	658	0	0	0	573	743	658
012602	1.741	3.357	2.549	9.596	20.925	15.260	13.449	20.405	16.927	23.045	41.329	32.187
012645A	1.187	4.385	2.786	9.426	16.513	12.970	13.876	13.419	13.648	23.303	29.932	26.618
012645B	1.468	3.402	2.435	8.632	13.181	10.906	9.872	14.597	12.234	18.504	27.778	23.141
012661	690	3.734	2.212	6.288	21.897	14.092	6.463	13.652	8.859	12.751	36.285	20.595
012700	2.948	3.781	3.364	13.162	13.079	13.120	9.766	11.372	10.569	22.928	24.450	23.689
012734	1.062	4.316	2.689	4.805	10.783	7.794	3.704	9.038	6.371	8.509	19.821	14.165
012793	2.404	4.853	3.628	11.202	25.155	18.179	12.591	20.251	16.421	23.793	45.406	34.599
012823	1.178	3.053	2.115	2.963	15.001	8.982	5.770	11.303	8.536	8.733	26.304	17.518
012866	1.357	3.498	2.428	5.863	10.774	8.319	7.508	10.312	8.910	13.371	21.086	17.228
012874	1.331	4.139	2.735	8.004	15.152	11.578	14.056	14.614	14.335	22.060	29.766	25.913
012912	661	2.723	1.692	5.097	13.812	9.455	6.919	9.474	8.197	12.016	23.287	17.651
012921	1.143	2.025	1.584	8.348	18.337	13.342	11.355	18.598	14.976	19.703	36.934	28.318
012939	1.857	3.947	2.902	11.643	15.868	13.756	10.466	8.889	9.677	22.109	24.757	23.433
<u>013102*</u>	553	1.567	1.060	3.595	6.666	5.130	3.420	1.809	2.614	7.015	8.475	7.745
<u>013111</u>	974	1.261	1.118	4.898	5.553	5.225	3.033	596	2.221	7.931	7.269	7.710
<u>013692</u>	229	164	197	1.611	1.194	1.402	0	0	0	1.611	1.194	1.402
013927	2.125	5.174	3.649	9.973	16.383	13.178	10.501	14.314	12.408	20.474	30.697	25.586
<u>013978*</u>	1.058	2.610	1.834	6.064	9.655	7.860	14.220	10.383	12.302	20.285	20.038	20.161
<u>014010*</u>	1.283	1.892	1.587	7.193	10.224	8.709	9.196	3.983	6.589	16.389	14.207	15.298
<u>014354</u>	1.171	967	1.069	7.286	6.003	6.644	6.027	4.204	5.116	13.313	10.207	11.760
<u>014630</u>	260	416	338	2.045	1.799	1.922	2.439	0	1.220	4.485	1.799	3.142
<u>014729</u>	292	517	405	1.985	2.799	2.392	2.286	0	1.143	4.271	2.799	3.535
<u>014826</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
014851	2.748	5.464	4.106	14.010	20.923	17.466	10.004	9.770	9.887	24.014	30.692	27.353
<u>014885*</u>	729	2.047	1.388	4.133	5.688	4.911	2.693	2.564	2.629	6.826	8.253	7.540
<u>014907</u>	935	1.105	1.020	4.181	4.234	4.208	2.939	322	2.067	7.121	4.162	6.134
018996	2.103	6.264	4.183	11.551	30.485	21.018	9.338	15.717	12.527	20.889	46.202	33.545
<u>019470</u>	164	479	322	608	2.227	1.418	0	0	0	608	2.467	1.228
BE1 Hib apomítico	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BE1 Hib sexual	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MS-040	2.032	2.828	2.430	7.699	10.382	9.041	7.519	8.695	7.911	15.219	21.958	17.465
V-11802/1	1.791	4.459	3.125	10.091	18.186	14.139	11.995	18.369	15.182	22.085	36.555	29.320
V-11843	1.663	4.412	3.038	11.420	20.292	15.856	8.807	11.788	10.297	20.226	32.080	26.153
V-11884	1.239	3.340	2.290	8.410	18.424	13.417	8.591	18.167	13.379	17.001	36.591	26.796

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	MST-REB45 (kg/ha)			MST-CHUVA92/93 (kg/ha)			MST-CHUVA93/94 (kg/ha)			MST-CHUVA92/93+MST-CHUVA93/94 (kg/ha)			
	Nº BRA-/ Fertilidade Inicial	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
B.b. cv. Marandu		1.570	6.470	4.020	12.859	28.849	20.854	20.581	34.075	27.328	33.441	62.924	48.182
B.b. 003441		6.155	5.057	5.606	34.021	24.144	29.083	32.294	27.868	30.081	66.315	52.012	59.163
B.b. 004391		4.846	2.365	3.606	15.505	11.791	13.648	15.974	13.486	14.730	31.479	25.277	28.378
P.m. cv. Vencedor		1.394	5.157	3.276	11.814	30.297	21.056	9.401	13.858	11.629	21.215	44.155	32.685
A.g. cv. Planaltina		2.556	6.076	4.316	18.118	29.473	23.796	30.317	36.596	33.457	48.435	66.069	57.252
<i>Coleção (N=88)</i>													
Média		1.241	2.507	1.869	6.937	11.117	9.009	6.725	7.654	7.187	13.668	18.939	16.181
Mínimo		0	0	0	573	743	658	0	0	0	573	743	658
Máximo		6.155	6.470	5.606	34.021	30.485	29.083	32.294	36.596	33.457	66.315	66.069	59.163
Desvio Padrão		940	1.595	1.158	4.946	7.800	6.000	5.781	7.579	6.477	10.399	15.027	12.186
<i>Paspalum (N=83)</i>													
Média		1.116	2.355	1.731	6.243	10.286	8.245	5.822	6.599	6.207	12.071	17.063	14.437
Mínimo		0	0	0	573	743	658	0	0	0	573	743	658
Percentil 25		585	1.131	897	3.015	4.552	3.897	2.447	318	1.808	5.471	5.317	5.999
Percentil 75		1.591	3.428	2.437	9.333	15.625	13.045	9.267	11.063	10.380	19.421	26.960	23.180
Máximo		2.948	6.264	4.183	14.010	30.485	21.018	14.266	20.405	16.927	26.578	46.202	34.599
Desvio Padrão		672	1.473	1.023	3.676	7.034	5.137	4.075	5.958	4.804	7.411	12.825	9.716
<i>Demais Gêneros (N=5)</i>													
Média		3.304	5.025	4.165	18.463	24.911	21.687	21.713	25.176	23.445	40.177	50.087	45.132
Mínimo		1.394	2.365	3.276	11.814	11.791	13.648	9.401	13.486	11.629	21.215	25.277	28.378
Máximo		6.155	6.470	5.606	34.021	30.297	29.083	32.294	36.596	33.457	66.315	66.069	59.163
Desvio Padrão		1.882	1.434	803	8.081	6.900	4.997	8.623	9.814	8.659	15.697	14.661	12.560
Fertilidade Inicial (Prob>F)		0,0044			0,0087			0,0522			0,0075		
Genótipo (Prob>F)		0,0001			0,0001			0,0001			0,0001		
Genótipo*Fertilidade Inicial (Prob>F)		0,0000			0,0001			0,0183			0,0001		
Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp. (Prob>F)		0,0409			0,0001			0,0000			0,0001		
Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros (Prob>F)		0,0001			0,0001			0,0001			0,0001		
Erro Padrão Diferenças Fertilidade		62			218			223			397		
DMS Fertilidade (Tukey 0,05; 1; 2)		376			1.326			1.355			2.418		
DMS Fertilidade (Tukey 0,01; 1; 2)		868			3.058			3.126			5.578		
Erro Padrão Diferenças Genótipos		410			1.445			1.477			2.636		
DMS Genótipos (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)		2.516			8.866			9.079			16.208		
DMS Genótipos (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)		2.770			9.761			10.001			17.855		
Erro Padrão Diferenças Genótipo dentro de Fertilidade		580			2.044			2.089			3.728		
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)		3.559			12.539			12.840			22.921		
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)		3.918			13.804			14.144			25.251		
CV Experimental (Erro) (%)		44			32			40			32		
Desvio Padrão Genotípico da Coleção (Pela Estimativa dos QMédios)		2.160			11.637			12.474			23.297		

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Tabela 3-A Médias por acesso e por condição de fertilidade inicial do solo (Menor e Maior) e estatísticas descritivas e univariadas de variáveis ligadas ao estabelecimento, produção e valor nutritivo da forragem numa coleção de *Paspalum* spp. (N=89) e de gramíneas de outros gêneros (N=5) avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores em negrito indicam as dez maiores ou menores (para MSS e % MSS) médias observadas para cada variável. Células vazias indicam acessos que não se estabeleceram (N=6). Vide tabela 2-A para decodificação das variáveis.

Genótipo/Variável	MSACUM = MST-EST92 + MST-SECAS + MST-CHUVAS (kg/ha)			PB-REB45 (%)			DIVMS-REB45 (%)			
	Nº BRA-/ Fertilidade Inicial	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
000159		13.902	28.681	23.755	10,4	8,7	9,6	36,7	43,6	40,2
003824		29.236	39.851	34.544	9,1	8,6	8,8	61,4	64,1	62,8
<u>004120</u>		7.046	8.194	7.620	7,5	11,3	9,4	38,5	49,5	44,0
<u>005088</u>		3.270	3.454	3.331	11,3	8,8	10,0	51,2	47,2	49,2
005819		24.696	19.304	22.899	13,5	11,4	12,5	55,8	57,2	56,5
006572		23.321	30.745	27.033	7,3	7,5	7,4	57,3	59,6	58,5
006602		17.970	16.829	17.400	7,7	10,5	9,1	41,1	34,7	37,9
<u>006611</u>		13.442	29.717	21.579	10,1	8,0	9,0	45,7	49,7	47,7
<u>006700</u>		6.427	2.663	4.545	9,4	9,7	9,6	44,5	48,2	46,3
<u>006718</u>		3.928	2.911	3.419	8,3	8,6	8,4	48,8	48,3	48,6
<u>008508</u>		11.600	9.516	10.558	8,6	9,3	9,0	46,1	45,4	45,8
<u>008524</u>		9.588	6.289	8.488	10,1	10,5	10,3	37,4	48,4	42,9
<u>008532</u>		10.055	16.657	12.256	9,2	8,7	9,0	36,2	33,8	35,0
<u>008567</u>		11.197	10.639	10.825	11,9	8,2	10,1	51,7	45,6	48,7
008613		27.327	34.248	30.788	9,6	7,9	8,8	45,3	41,6	43,4
008630		29.564	38.191	33.878	8,6	9,2	8,9	38,7	47,1	42,9
<u>008648</u>		5.671	5.746	5.709	10,6	9,0	9,8	49,2	59,3	54,3
<u>008672</u>		1.855	1.692	1.801	11,2	11,2	11,2	43,9	43,9	43,9
<u>008681</u>		4.727	4.544	4.666	8,9	7,5	8,2	47,4	46,0	46,7
<u>008869</u>		7.398	9.052	8.225	8,3	8,2	8,3	45,7	43,5	44,6
<u>008877</u>		9.134	6.873	8.003	12,4	8,9	10,7	44,5	46,2	45,3
<u>008893</u>		9.498	7.635	8.566	9,3	10,1	9,7	49,6	45,5	47,6
008923		7.227	7.663	7.445	11,5	11,4	11,4	51,0	52,0	51,5
008940		4.081	13.500	10.360	10,4	9,9	10,2	45,2	49,8	47,5
<u>008958</u>		-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008974*</u>		11.809	12.323	11.980	9,0	8,1	8,5	48,1	51,5	49,8
<u>008982*</u>		13.967	16.894	15.918	9,5	9,6	9,6	43,5	47,2	45,4
<u>009016</u>		8.111	12.843	9.688	9,8	9,2	9,5	43,7	43,5	43,6
<u>009032*</u>		13.323	21.666	18.885	10,5	11,4	11,0	43,3	53,6	48,5
<u>009083</u>		9.600	7.381	8.490	9,6	9,0	9,3	51,3	40,6	45,9
<u>009105</u>		16.405	16.340	16.373	9,0	9,0	9,0	40,8	49,1	45,0
<u>009202</u>		13.187	6.747	9.967	8,4	9,0	8,7	50,8	54,8	52,8
<u>009229</u>		2.715	2.648	2.670	11,1	11,3	11,2	42,2	47,3	44,7
009415		17.223	32.774	24.998	10,7	13,4	12,1	50,8	59,9	55,3
cv. Pojuca 009610		32.207	45.927	39.067	7,9	10,2	9,0	56,3	57,8	57,0
009652		28.105	55.837	37.349	8,8	8,8	8,8	45,8	47,7	46,8
009687		21.157	34.425	27.791	8,0	9,0	8,5	48,4	48,2	48,3
<u>009717</u>		8.904	16.411	11.407	8,1	7,1	7,6	45,7	43,6	44,7
<u>009784</u>		11.038	14.553	13.381	9,6	12,5	11,1	49,4	52,7	51,1
010154		8.831	19.288	14.060	12,1	9,9	11,0	43,0	37,4	40,2
010391		15.812	10.172	12.992	8,6	8,6	8,6	46,0	40,0	43,0

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	MSACUM = MST-EST92 + MST-SECAS + MST-CHUVAS (kg/ha)			PB-REB45 (%)			DIVMS-REB45 (%)			
	Nº BRA-/ Fertilidade Inicial	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
010511		23.545	30.725	27.135	10,3	10,0	10,2	36,8	43,5	40,1
010537		26.227	33.693	31.204	11,8	12,2	12,0	52,6	58,7	55,6
<u>011053</u>		17.854	19.942	18.550	8,0	5,8	6,9	47,0	37,8	42,4
<u>011207</u>		-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011282</u>		7.151	5.225	6.188	9,1	11,8	10,5	39,8	41,6	40,7
<u>011355</u>		-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011479</u>		1.496	1.616	1.556	8,8	9,1	8,9	53,0	53,4	53,2
<u>011517</u>		1.521	1.999	1.681	10,9	10,5	10,7	47,0	44,7	45,9
012424		12.902	29.899	21.401	12,7	12,7	12,7	44,9	45,5	45,2
012483		23.828	49.784	36.806	11,1	9,5	10,3	47,8	55,3	51,6
012521		15.627	22.375	20.126	9,9	12,3	11,1	48,8	52,6	50,7
012556		22.391	25.027	23.709	8,4	8,6	8,5	50,3	56,0	53,1
012581		25.357	36.940	31.148	8,5	6,9	7,7	32,6	35,8	34,2
<u>012599</u>		6.494	5.011	5.505	7,8	9,0	8,4	41,7	38,6	40,1
012602		29.555	54.128	41.842	6,9	7,1	7,0	32,5	28,5	30,5
012645A		27.554	38.551	33.053	10,1	10,1	10,1	45,2	45,2	45,2
012645B		-	35.246	35.246	9,7	8,2	8,9	50,7	43,5	47,1
012661		9.619	42.715	26.167	8,8	8,6	8,7	38,9	36,9	37,9
012700		29.291	32.310	30.800	7,2	7,5	7,3	48,8	47,9	48,4
012734		14.006	29.102	24.070	9,8	9,3	9,5	31,4	46,3	38,9
012793		21.957	57.004	45.322	8,9	8,8	8,8	34,7	37,0	35,8
012823		13.413	31.948	25.770	8,1	9,5	8,8	32,4	40,9	36,7
012866		17.843	25.553	21.698	7,9	7,5	7,7	42,5	44,7	43,6
012874		25.991	34.138	30.065	7,3	7,1	7,2	42,6	50,0	46,3
012912		17.185	26.879	23.648	11,2	9,6	10,4	43,2	47,8	45,5
012921		34.362	49.796	44.651	8,0	7,6	7,8	34,4	32,9	33,6
012939		26.730	32.686	29.708	10,5	9,0	9,7	50,5	37,0	43,8
<u>013102*</u>		8.409	9.898	9.154	8,9	8,6	8,8	36,4	32,5	34,5
<u>013111</u>		11.195	13.478	11.956	10,2	9,8	10,0	43,0	33,1	38,0
<u>013692</u>		3.110	2.189	2.650	11,1	10,6	10,8	48,0	42,1	45,0
013927		26.160	37.035	31.598	9,6	10,3	10,0	49,5	50,4	50,0
<u>013978*</u>		31.010	28.033	29.521	8,3	8,2	8,2	46,2	42,9	44,6
<u>014010*</u>		20.713	17.839	19.276	8,0	7,7	7,9	48,1	53,1	50,6
<u>014354</u>		16.899	13.439	15.169	8,8	8,5	8,6	49,8	40,2	45,0
<u>014630</u>		4.873	2.211	3.542	8,9	8,2	8,6	47,5	50,6	49,0
<u>014729</u>		5.870	5.429	5.649	9,3	9,8	9,5	48,4	43,7	46,1
<u>014826</u>		-	-	-	-	-	-	-	-	-
014851		30.543	39.738	35.140	8,2	7,5	7,9	58,8	63,6	61,2
<u>014885*</u>		8.416	12.388	9.740	9,2	8,6	8,9	47,0	52,5	49,8
<u>014907</u>		8.874	5.007	7.585	9,6	9,5	9,5	54,2	59,5	56,8
018996		26.074	55.347	40.710	8,4	10,0	9,2	57,8	63,5	60,7
019470		691	2.715	1.366	8,5	10,6	9,5	52,1	48,6	50,3
<u>BE1 Hib apomítico</u>		-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>BE1 Hib sexual</u>		-	-	-	-	-	-	-	-	-
MS-040		20.026	31.206	23.753	7,6	7,9	7,7	35,7	32,4	34,1
V-11802/1		31.985	45.768	41.174	10,1	8,9	9,5	49,9	55,0	52,4
V-11843		29.881	39.543	36.322	9,9	9,6	9,7	51,0	52,3	51,7
V-11884		21.972	43.281	32.626	9,2	8,5	8,8	35,2	36,0	35,6

Continua...

(Tabela 3-A Continuação)

Genótipo/Variável	MSACUM = MST-EST92 + MST-SECAS + MST-CHUVAS (kg/ha)			PB-REB45 (%)			DIVMS-REB45 (%)			
	Nº BRA-/ Fertilidade Inicial	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)	Menor	Maior	Média (Maior+Menor)
B.b. cv. Marandu	37.779	78.552	58.166	13,4	12,4	12,9	65,9	61,9	63,9	
B.b. 003441	74.234	60.143	67.188	9,5	9,6	9,5	59,5	54,2	56,8	
B.b. 004391	39.936	34.372	37.154	11,2	11,5	11,3	63,2	58,3	60,8	
P.m. cv. Vencedor	25.535	60.975	43.255	13,6	12,8	13,2	56,5	56,4	66,4	
A.g. cv. Planaltina	55.286	78.427	66.856	9,2	8,6	8,9	47,0	52,5	49,8	
Coleção (N=88)										
Média	17.424	24.433	21.242	9,5	9,4	9,4	46,4	47,3	46,8	
Mínimo	691	1.616	1.366	6,9	5,8	6,9	31,4	28,5	30,5	
Máximo	74.234	78.552	67.188	13,6	13,4	13,2	65,9	64,1	63,9	
Desvio Padrão	12.174	18.235	14.770	1,5	1,5	1,3	7,1	8,0	7,1	
Paspalum (N=83)										
Média	15.648	22.140	19.237	9,4	9,3	9,3	45,7	46,7	46,2	
Mínimo	691	1.616	1.366	6,9	5,8	6,9	31,4	28,5	30,5	
Percentil 25	8.411	7.649	8.489	8,4	8,4	8,6	42,3	41,8	43,0	
Percentil 75	23.757	33.916	29.886	10,2	10,0	10,1	49,8	52,2	50,2	
Máximo	34.362	57.004	45.322	13,5	13,4	12,7	61,4	64,1	62,8	
Desvio Padrão	9.231	15.627	12.307	1,4	1,4	1,2	6,5	7,9	6,7	
Demais Gêneros (N=5)										
Média	46.554	62.494	54.524	11,4	11,0	11,2	58,4	56,7	57,5	
Mínimo	25.535	34.372	37.154	9,2	8,6	8,9	47,0	52,5	49,8	
Máximo	74.234	78.552	67.188	13,6	12,8	13,2	65,9	61,9	63,9	
Desvio Padrão	16.763	16.189	12.284	1,9	1,6	1,7	6,5	3,3	4,8	
Fertilidade Inicial (Prob>F)		0,0034				-			-	
Genótipo (Prob>F)		0,0001				-			-	
Genótipo*Fertilidade Inicial (Prob>F)		0,0002				-			-	
Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp. (Prob>F)		NÃO ESTIMÁVEL				-			-	
Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros (Prob>F)		NÃO ESTIMÁVEL				-			-	
Erro Padrão Diferenças Fertilidade		503				-			-	
DMS Fertilidade (Tukey 0,05; 1; 2)		3.061				-			-	
DMS Fertilidade (Tukey 0,01; 1; 2)		7.060				-			-	
Erro Padrão Diferenças Genótipos		3.337				-			-	
DMS Genótipos (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)		20.647				-			-	
DMS Genótipos (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)		22.805				-			-	
Erro Padrão Diferenças Genótipo dentro de Fertilidade		4.719				-			-	
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)		29.199				-			-	
DMS Genótipo dentro Fertilidade (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)		32.252				-			-	
CV Experimental (Erro) (%)		31				-			-	
Desvio Padrão Genotípico da Coleção (Pela Estimativa dos QMédios)		26.331				-			-	

Continua...

(Tabela 4-A Continuação)

Tabela 4-A. Resumo da análise de variância e de contrastes para variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes em uma coleção de genótipos de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros avaliada no âmbito dos Cerrados.

Variável	Causa de Variação	GL	Quadrado Médio	Valor F	Prob > F
SEMCOL - Sementes colhidas (espiguetas + cariópses)	Genótipo	44	321.585	9,42	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	3.684.276	107,94	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	234.186	6,86	0,01060
	Erro	77	34.131	-	-
SEMPURA - Sementes puras (cariópses)	Genótipo	44	59.196	8,78	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	478.404	70,95	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	133.603	19,82	0,00003
	Erro	77	6.742	-	-
SEMPURAC - Sementes puras corrigidas pela degrana	Genótipo	44	59.227	8,87	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	476.168	71,34	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	131.673	19,73	0,00003
	Erro	77	6.675	-	-
IEI - Início da emissão de inflorescências	Genótipo	44	3.010	28,48	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	3.206	30,33	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	7.354	69,58	0,00001
	Erro	77	106	-	-
PEI - Pico da emissão de inflorescências	Genótipo	44	2.404	30,35	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	5.887	74,32	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	4.993	63,03	0,00001
	Erro	77	79	-	-
FEI - Final da emissão de inflorescências	Genótipo	44	1.546	5,98	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	11.011	42,60	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	245	0,95	0,33364
	Erro	77	258	-	-
IC - Início da colheita manual das sementes	Genótipo	44	2.801	30,05	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	5.176	55,53	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	7.774	83,40	0,00001
	Erro	77	93,2	-	-

Continua...

(Tabela 4-A Continuação)

Variável	Causa de Variação	GL	Quadrado Médio	Valor F	Prob > F
PC - Pico da colheita de sementes	Genótipo	44	2.533	22,35	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	6.364	56,16	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	3.901	34,42	0,00001
	Erro	77	113,3	-	-
FC - Final da colheita de sementes	Genótipo	44	1.478	6,48	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	10.926	47,92	0,00001
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	367,8	1,61	0,20792
	Erro	77	228,0	-	-
IEPE - Duração período entre o início e o pico da emissão das inflorescências	Genótipo	44	387,8	4,75	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	404,2	4,95	0,02905
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	227,9	2,79	0,09896
	Erro	77	81,7	-	-
IEFE - Duração período entre o início e o final da emissão das inflorescências	Genótipo	44	2.428	11,32	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	2.335	10,88	0,00147
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	4.916	22,92	0,00001
	Erro	77	214,5	-	-
IEIC - Duração período entre o início da emissão das inflorescências e o início da colheita das	Genótipo	44	89,1	1,64	0,02807
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	234,8	4,33	0,04070
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	5,8	0,11	0,74399
	Erro	77	54,2	-	-
PEPC - Duração período entre o pico da emissão das inflorescências e o pico da colheita das	Genótipo	44	39,0	0,98	0,52633
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	9,3	0,23	0,63065
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	67,2	1,68	0,19860
	Erro	77	40,0	-	-
ICPC - Duração período entre o início e o pico da colheita das sementes	Genótipo	44	357,4	2,49	0,00023
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	61,4	0,43	0,51528
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	660,9	4,60	0,03512
	Erro	77	143,7	-	-
ICFC - Duração período entre o início e o final da colheita das sementes	Genótipo	44	2.162	8,93	0,00001
	Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros	1	1.062	4,39	0,03947
	Contraste cv. Pojuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp.	1	4.760	19,67	0,00003
	Erro	77	242,0	-	-

Continua...

(Continuação Tabela 5-A)

Tabela 5-A Médias por acesso e estatísticas descritivas e univariadas de variáveis ligadas à fenologia reprodutiva e à produção de sementes numa coleção de *Paspalum* spp. e de gramíneas de outros gêneros que persistiram (N=45) quando avaliadas sob regime de cortes no âmbito dos Cerrados. Valores em **negrito** indicam as cinco (fenofases) ou dez maiores (demais variáveis) médias para cada variável. Valores em **negrito e itálico** indicam as cinco menores médias observadas para as fenofases. Células vazias indicam acessos que não se estabeleceram ou não persistiram. Vide tabela 4-A para decodificação dos parâmetros.

Genótipo/Variável Nº BRA-	SEMCOL (kg/ha)	SEMPURA (kg/ha)	SEMPURAC (kg/ha)	IEI (dias)	PEI (dias)	FEI (dias)	IC (dias)	PC (dias)	FC (dias)	IEPE (dias)	IEFE (dias)	PEPC (dias)	ICPC (dias)	ICFC (dias)	IEIC (dias)
000159	278	140	140	77	91	147	84	106	152	14	70	14	22	68	7
003824	469	246	246	140	157	178	157	159	192	17	38	2	2	35	17
<u>004120</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>005088</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
005819	98	38	38	159	170	199	168	178	199	11	40	7	10	31	9
006572	208	95	95	72	103	138	89	108	150	31	66	5	19	61	17
006602	51	14	14	51	122	185	58	122	185	71	134	0	64	127	7
<u>006611</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>006700</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>006718</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008508</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008524</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008532</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008567</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
008613	211	54	55	53	84	143	74	89	145	31	90	5	15	71	21
008630	407	70	71	44	86	122	65	86	128	42	78	0	21	63	21
<u>008648</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008672</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008681</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008869</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008877</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008893</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
008923	38	22	22	65	87	155	89	96	170	21	90	9	7	82	23
008940	56	27	27	66	86	199	79	94	199	21	133	8	15	120	14
<u>008958</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>008974*</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Continua ...

(Continuação Tabela 5-A)

Genótipo/Variável Nº BRA-	SEMCOL (kg/ha)	SEMPURA (kg/ha)	SEMPURAC (kg/ha)	IEI (dias)	PEI (dias)	FEI (dias)	IC (dias)	PC (dias)	FC (dias)	IEPE (dias)	IEFE (dias)	PEPC (dias)	ICPC (dias)	ICFC (dias)	IEIC (dias)
<u>008982*</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>009016</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>009032*</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>009083</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>009105</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>009202</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>009229</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
009415	188	87	87	154	168	199	163	175	199	14	45	8	12	36	9
cv. Pojuca 009610	583	319	319	142	157	170	157	157	180	15	28	0	0	23	15
009652	0	0	0	----- Não floresceu -----											
009687	279	94	96	129	157	185	144	168	190	28	56	11	24	46	15
<u>009717</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>009784</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
010154	135	118	139	115	139	157	125	142	167	25	43	3	17	42	11
<u>010391</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
010511	48	15	15	119	142	168	131	149	178	23	49	7	18	47	11
010537	228	94	112	157	163	192	161	173	194	6	35	10	12	33	4
<u>011053</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011207</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011282</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011355</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011479</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>011517</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
012424	76	6	6	112	126	142	112	129	154	14	30	3	17	42	0
012483	108	40	40	115	133	163	126	135	175	19	49	2	9	49	11
012521	251	63	64	82	106	151	94	108	166	24	69	2	14	72	12
012556	53	17	18	103	122	159	117	133	168	19	56	11	16	51	13
012581	487	141	143	91	108	194	103	113	210	17	103	5	9	107	12
<u>012599</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
012602	589	185	194	81	101	151	96	103	159	20	70	2	7	63	15
012645A	234	36	37	82	108	164	98	112	169	26	82	4	14	70	16

Continua ...

(Continuação Tabela 5-A)

Genótipo/Variável Nº BRA-	SEMCOL (kg/ha)	SEMPURA (kg/ha)	SEMPURAC (kg/ha)	IEI (dias)	PEI (dias)	FEI (dias)	IC (dias)	PC (dias)	FC (dias)	IEPE (dias)	IEFE (dias)	PEPC (dias)	ICPC (dias)	ICFC (dias)	IEIC (dias)
012645B	104	19	21	86	103	145	91	103	164	17	59	0	11	73	5
012661	331	117	117	96	113	197	103	113	197	16	100	0	9	93	7
012700	507	188	192	84	101	130	101	110	135	17	46	9	9	34	17
012734	1.077	426	426	81	99	157	89	106	161	17	76	7	17	73	7
012793	906	132	132	65	101	175	80	108	178	36	110	7	28	98	14
012823	597	201	201	82	106	194	94	108	197	24	112	2	14	103	12
012866	392	188	192	91	103	163	106	108	173	12	71	5	2	67	14
012874	106	37	37	91	110	153	106	112	168	19	62	2	6	63	14
012912	288	69	72	49	87	152	73	91	152	38	103	5	19	79	24
012921	629	182	182	91	108	160	101	108	168	17	69	0	7	67	10
012939	140	33	35	51	83	125	65	87	125	32	74	4	22	60	14
<u>013102*</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>013111</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>013692</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
013927	488	200	210	86	106	126	103	108	137	20	40	2	5	34	17
<u>013978*</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>014010*</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>014354</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>014630</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>014729</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>014826</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
014851	59	23	26	117	135	171	123	140	171	19	54	5	17	47	7
<u>014885*</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>014907</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
018996	479	337	337	142	157	173	154	157	185	15	31	0	3	31	12
<u>019470</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>BE1 Hib apomítico</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<u>BE1 Hib sexual</u>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MS-040	536	253	253	62	101	143	83	101	160	40	81	0	18	77	22
V-11802/1	99	29	35	103	124	178	119	138	187	21	74	14	19	68	16
V-11843	134	70	70	108	135	151	126	140	170	28	44	5	14	44	18
V-11884	516	78	78	79	94	124	89	94	128	15	45	0	5	39	9

Continua ...

(Continuação Tabela 5-A)

Genótipo/Variável Nº BRA-	SEMCOL (kg/ha)	SEMPURA (kg/ha)	SEMPURAC (kg/ha)	IEI (dias)	PEI (dias)	FEI (dias)	IC (dias)	PC (dias)	FC (dias)	IEPE (dias)	IEFE (dias)	PEPC (dias)	ICPC (dias)	ICFC (dias)	IEIC (dias)
B.brizantha cv. Marandu	904	193	193	89	148	225	103	157	227	59	136	9	54	124	15
B.brizantha 003441	1.105	387	387	144	178	189	164	183	199	34	45	5	19	35	20
B.brizantha 004391	582	157	162	53	80	190	80	85	208	27	136	5	5	128	27
P.maximum cv. Vencedor	35	5	5	85	94	159	93	98	159	9	74	5	5	66	9
A.gayanus cv. Planaltina	1.580	769	769	173	190	190	192	194	197	17	17	5	2	5	19
<i>Coleção (N=45 a 46)</i>															
Média	362	131	133	96	119	165	110	124	173	23	69	5	15	63	14
Mínimo	0	0	0	44	80	122	58	85	125	6	17	0	0	5	0
Máximo	1.580	769	769	173	190	225	192	194	227	71	136	14	64	128	27
Desvio Padrão	332	141	141	33	29	24	32	30	23	12	31	4	12	29	6
<i>Paspalum (N=40 a 41)</i>															
Média	304	110	112	94	117	162	107	122	170	23	68	5	14	62	13
Mínimo	0	0	0	44	83	122	58	86	125	6	28	0	0	23	0
Percentil 25	104	33	35	76	101	147	89	105	158	16	45	2	9	42	9
Percentil 75	487	182	182	115	135	178	125	140	186	26	81	7	18	73	16
Máximo	1.077	426	426	159	170	199	168	178	210	71	134	14	64	127	24
Desvio Padrão	245	99	99	31	26	22	29	26	21	11	27	4	10	25	5
<i>Demais Gêneros (N=5)</i>															
Média	841	302	303	109	138	190	127	143	198	29	82	6	17	71	18
Mínimo	35	5	5	53	80	159	80	85	159	9	17	5	2	5	9
Máximo	1.580	769	769	173	190	225	192	194	227	59	136	9	54	128	27
Desvio Padrão	517	263	263	43	44	21	44	44	22	17	48	2	19	49	6
Genótipo (Prob>F)	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,52633	0,00023	0,00001	0,02807
Contraste cv. Pajuca vs. Demais <i>Paspalum</i> spp. (Prob>F)	0,01060	0,00003	0,00003	0,00001	0,00001	0,33364	0,00001	0,00001	0,20792	0,09896	0,00001	0,19860	0,03512	0,00003	0,74399
Contraste Gênero <i>Paspalum</i> vs. Demais Gêneros (Prob>F)	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,02905	0,00147	0,63065	0,51528	0,03947	0,04070
Erro Padrão Diferenças Genótipos	106,7	47,4	47,2	5,9	5,1	9,3	5,6	6,1	8,7	5,2	8,5	3,7	6,9	9,0	4,3
DMS Genótipos (Tukey 0,05; 88; 121 a 179)	620	276	274	34	30	54	32	36	51	30	49	21	40	52	25
DMS Genótipos (Tukey 0,01; 88; 121 a 179)	696	309	308	39	34	61	36	40	57	34	55	24	45	59	28

Continua ...

(Continuação Tabela 5-A)

Genótipo/Variável	SEMCOL	SEMPURA	SEMPURAC	IEI	PEI (dias)	FEI	IC	PC	FC	IEPE	IEFE	PEPC	ICPC	ICFC	IEIC
Nº BRA-	(kg/ha)	(kg/ha)	(kg/ha)	(dias)		(dias)									
Desvio Padrão Genotípico da Coleção (Pela Estimativa dos QMédios)	379	162	162	38	34	25	37	35	25	12	33	<0	10	31	4

Continua ...