

Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre caracteres para o melhoramento de *Panicum maximum* Jacq.

Thiago Gomes dos Santos Braz¹, Liana Jank², Dilermando Miranda da Fonseca³, Edson dos Santos Pereira⁴, Miriam Ferreira Marcos⁴ e Inara Keiko Mori⁵

Introdução

A intensificação da bovinocultura no Brasil exige cada vez mais forrageiras com elevada produtividade e competitividade. A espécie *Panicum maximum* Jacq. ocupa cerca de 20% das áreas de pastagem no Brasil, detêm 30% do mercado de sementes. Esta espécie é a forrageira propagada por sementes, mais produtiva do mercado, o que faz dela excelente opção para a diversificação e intensificação das pastagens brasileiras (JANK et al., 2008).

O melhoramento de forrageiras tem sido realizado, principalmente, por meio de caracteres agrônômicos tais como a produção total e de folhas, participação das lâminas foliares na composição morfológica da forragem e rebrotação, sendo encontradas poucas ou nenhuma cultivar melhorada para características de valor nutritivo no mercado. De fato, o primeiro objetivo da maioria dos programas de melhoramento, é o aumento da produção forrageira para elevar diretamente os índices produtivos (VALLE et al., 2009), entretanto, com o lançamento cada vez mais constante de novas cultivares, a melhoria de características relacionadas ao valor nutritivo da forragem pode aumentar a competitividade e os resultados da exploração pecuária.

Ao se incluir novas características ao programa de melhoramento, torna-se fundamental o conhecimento da associação entre estas, pois permitirá saber como o melhoramento de determinada característica irá influenciar mudanças em outros caracteres.

Em forrageiras de clima temperado evidenciou-se que é possível obter ganhos em produção e valor nutritivo (CASLER; VOGEL, 1999), entretanto, pouco se sabe a respeito da relação entre os caracteres de valor nutritivo e os de produção em forrageiras de clima tropical, que apresentam metabolismo C₄ e possuem taxa de crescimento e teor de parede celular vegetal bem maiores que os das forrageiras C₃, de clima temperado.

O coeficiente de correlação, independentemente de sua natureza, consiste na associação linear entre duas variáveis e o seu conhecimento é de grande importância, pois permite saber como o melhoramento

de determinada característica irá influenciar mudanças em outros caracteres (CRUZ et al., 2004).

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho avaliar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre caracteres de interesse para o melhoramento de forrageiras da espécie *P. maximum*.

Material e métodos

O experimento foi realizado na Embrapa Gado de Corte no município de Campo Grande, Mato Grosso do Sul, a 20°27' de latitude e 54°57' de longitude. O clima, segundo a classificação de Köppen, é do tipo tropical chuvoso de savana, subtipo Aw, caracterizado por distribuição anual irregular das chuvas e pela ocorrência bem definida do período seco durante os meses frios e do período chuvoso durante o verão.

Foram avaliados híbridos provenientes de três progênes de irmãos completos de *P. maximum*. Os híbridos foram obtidos por meio do cruzamento entre 4 progenitores, as plantas-mãe sexuais poliploidizadas S10 e S12 e as cultivares comerciais apomíticas Mombaça e Tanzânia, que foram doadoras de pólen. A progênie 1 foi resultante do cruzamento entre a planta sexual S10 e o capim-tanzânia, a progênie 2, foi resultante do cruzamento entre a mesma planta sexual e o capim-mombaça e a progênie 3, resultante do cruzamento entre a progenitora sexual S12 e o capim-tanzânia.

Após o estabelecimento no campo obteve-se número final de 114 híbridos para a progênie 1, 167 híbridos para a progênie 2 e 45 híbridos para a progênie 3. Os 326 indivíduos foram clonados e implantados em um teste clonal.

Utilizou-se o delineamento em blocos incompletos com duas repetições e 33 blocos no total. Cada bloco foi constituído por três linhas ou parcelas com 9 plantas por linha. Cada linha corresponde a uma das progênes listadas acima. Na bordadura utilizou-se plantas de capim-mombaça. Tanto entre as plantas dentro da linha quanto entre as linhas, o espaçamento foi de um metro.

Os indivíduos híbridos foram manejados por meio de cortes na altura de 25 cm do nível do solo realizados nos dias 26/01/10, 08/03/10, 05/06/10, 05/10/10, 18/11/10, 29/12/10 e 03/02/11. O corte realizado em 05/06/2010 não

1. Doutorando, Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, CEP 36570-000. E-mail: thiagogsbz@hotmail.com
2. Pesquisadora, Embrapa Gado de Corte, Laboratório de Citogenética, Campo Grande, MS, CEP 79002-970. E-mail: liana@cnpqg.embrapa.br
3. Professor, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, CEP 36570-000. E-mail: dfonseca@ufv.br
4. Estudante do curso de graduação em Biologia da Universidade Católica Dom Bosco – UCDB, Campo Grande, MS, CEP 79117-900.
5. Bolsista de apoio técnico, Embrapa Gado de Corte, Laboratório de Citogenética, Campo Grande, MS, CEP 79002-970.
Apoio financeiro: Embrapa Gado de Corte, CAPES, UNIPASTO e CNPq.



foi avaliado, pois ocorreu logo após o pleno florescimento dos híbridos, época em que também realizou-se a colheita das sementes para estudos futuros. A cada corte, a forragem foi colhida, pesada e posteriormente amostrada. Nas amostras realizou-se a separação dos componentes morfológicos lâminas foliares, colmos + bainhas e forragem morta, que depois foram desidratados para determinação do peso seco e da sua participação na composição morfológica das amostras. Foram avaliadas as seguintes características agrônomicas: produção de massa seca total (MST – g/planta), produção de massa seca de folhas (MSF – g/planta) e porcentagem de folhas na massa seca verde (%F).

Os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), celulose (CEL), lignina (LIG) e a digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) foram estimados, a partir de amostras de folhas, por meio da técnica de espectroscopia do infravermelho próximo (NIRS).

Para a estimação do valor genotípico dos indivíduos híbridos utilizou-se o modelo misto:

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

em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos de indivíduo (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), s é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

De posse dos valores fenotípicos, valores genotípicos estimados e dos desvios, estimaram-se os coeficientes de correlação fenotípica (r_p), genotípica (r_g) e ambiental (r_a) entre os caracteres avaliados no experimento.

Todas análises foram realizadas por meio do Software Selegen – REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Resultados e discussão

Os maiores coeficientes de correlação fenotípica foram observados entre os caracteres de valor nutritivo e entre os caracteres agrônomicos. Quando avaliou-se a correlação entre valor nutritivo e caracteres agrônomicos, observaram-se coeficientes de baixa a média magnitude (Tabela 1).

Ao se considerar o grau de correlação entre os caracteres de valor nutritivo, pode-se observar correlações acima de 0,7 entre os componentes da parede celular vegetal (PCV): lignina e celulose, e os teores de FDN e FDA. De fato, quanto maior a quantidade de celulose e lignina nas amostras, maiores os teores de fibra em detergente neutro e ácido (VAN SOEST, 1994).

Os teores de lignina, celulose, FDN e FDA correlacionaram-se negativamente com a DIVMO

(Tabela 1). Isto se deve ao fato de que quanto maior a participação da lignina e da própria PCV nas amostras, maior será o tempo demandado para degradação da fibra e menor será sua digestibilidade. Correlação alta e positiva também foi observada entre os teores de FDN e FDA, o que pode ser explicado pelo fato do FDA corresponder a medida dos teores de lignina e celulose que também estão contidos na FDN.

O teor de PB correlacionou-se negativamente com o FDA (-0,640) e a celulose (-0,626) e positivamente com a DIVMO (0,611) (Tabela 1). Estas correlações podem ser consideradas de média magnitude, apesar disto, a relação positiva com a digestibilidade está associada ao fato de que o nitrogênio é fator de crescimento para os microorganismos do rúmen e está presente em maior quantidade em plantas em estágio de desenvolvimento menos avançado e naquelas com menor teor de PCV (VAN SOEST, 1994).

Em relação aos caracteres agrônomicos, observou-se alta correlação fenotípica entre MST e MSF (0,982) (Tabela 1). Por outro lado, a correlação entre a MST e a %F (-0,581) foi de média magnitude e negativa, o que indica que plantas mais produtivas ou de maior porte, neste experimento, tenderam a possuir menor porcentagem de lâminas foliares na massa seca verde, provavelmente devido a maior porcentagem de colmos. A mesma tendência foi observada entre a %F e a MSF que apresentaram correlação de -0,489. Este valor pode parecer um contra-senso, mas avaliando-se do ponto de vista da morfofisiologia do dossel das forrageiras, plantas maiores provavelmente possuem maior taxa de crescimento o que pode ter implicado na colheita tardia destas plantas ao se considerar dias de rebrotação. Assim, plantas maiores estariam apresentando menor %F por estarem em estágios mais avançado de desenvolvimento e portanto com maior alongamento dos colmos.

O valor genotípico dos híbridos, obtido por meio do modelo misto, foi utilizado para a estimação das correlações genotípicas entre os caracteres avaliados. O conhecimento do grau de correlação genética entre duas variáveis é de grande importância por refletir associações de natureza herdável (CRUZ et al., 2004).

Ao se considerar apenas os caracteres de valor nutritivo, as maiores correlações genéticas foram observadas entre os caracteres FDA e CEL (0,858), FDA e PB (-0,713), DIVMO e FDA (-0,708), PB e FDA (-0,645) e DIVMO e PB (0,580) (Tabela 2). Estas correlações apresentaram o mesmo sinal e magnitude semelhante a das correlações fenotípicas, o que indica que a maior parte da associação tem causas genéticas. Segundo Falconer e Mackay (1996), este tipo de associação é devida principalmente a genes pleiotrópicos.

As correlações entre os caracteres agrônomicos também seguiram o mesmo comportamento, onde a magnitude e o sinal foram semelhantes ao das correlações fenotípicas. Nesse sentido, correlação genotípica de magnitude alta foi observada entre a MST e MSF (0,992) (Tabela 2).

Associações genotípicas negativas e de média magnitude



foram observadas entre a %F e a MST (-0,441) e entre a %F e a MSF (-0,361). Ressalta-se que, apesar da média magnitude, a existência de correlação genotípica negativa pode prejudicar a seleção simultânea destas características. Por outro lado, a associação entre produção e %F pode trazer benefícios ao melhoramento desta forrageira devido a possibilidade da seleção de plantas que mantêm maior área foliar ou quantidade de folhas no dossel antes de atingir o IAF crítico (BROUGHAM, 1958). Esta associação também permite sugerir que estas plantas teriam como característica morfofisiológica, maior longevidade das folhas.

O grau de correlação ambiental seguiu o mesmo comportamento das correlações fenotípicas e genotípicas (Tabela 3). Nesse sentido, a DIVMO guardou correlações ambientais negativas de média magnitude com os teores de celulose, lignina e FDN e de maior magnitude com o teor de FDA. O sinal negativo da correlação ambiental indica que estas características não são favorecidas pelas mesmas condições ambientais. O mesmo foi observado para o teor de PB e os teores de celulose e FDA (Tabela 3). Segundo Cruz et al. (2004), em geral, as correlações genéticas e ambientais apresentam o mesmo sinal.

Entre os caracteres agrônômicos, correlação ambiental alta foi observada entre os caracteres MSF e MST (Tabela 3), indicando o favorecimento de ambas as características pelas mesmas condições ambientais.

A associação ambiental entre os caracteres de valor nutritivo e os caracteres de produção foi, em geral, baixa ou nula (Tabela 3). Este resultado indica que as correlações genotípicas observadas são as principais determinantes da correlação fenotípica e, portanto, a seleção simultânea destes caracteres é possível.

Referências

- BROUGHAM, R.W. Effect of intensity of defoliation on regrowth of pasture. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.7, n.5, p.377-387, 1958.
- CASLER, M.D. & VOGEL, K.P. Accomplishments and impact from breeding for increased forage nutritional value. **Crop Science**. v.39, p.12-20, 1999.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.1. 3.ed. Viçosa:Editora UFV. 2004. 480p.
- FALCONER, D. S. & MAKCAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Essex: Longman, 1996. 464p.
- JANK, L.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B. et al. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; JANK, L. (Eds.) **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 1.ed. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2008. p.55-87.
- RESENDE, M.D.V. **SELEGEN-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. 1.ed. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 360p.
- VALLE, C.B.; JANK, L. & RESENDE, R.M.S. O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Revista Ceres**. v.56, n.4, p.460-472, 2009.
- VAN SOEST, P.J. **Nutritional ecology of the ruminant**. 2.ed. Corvallis: O & B Books, 1994. 374p.



Tabela 1. Correlações fenotípicas entre os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO), lignina (LIG), celulose (CEL) e a produção de matéria seca total (MST), matéria seca de folhas (MSF) e porcentagem de folhas (%F) em indivíduos híbridos de *P. maximum*.

	PB	FDN	FDA	DIVMO	LIG	CEL	MST	MSF	%F
PB	1	-0,205	-0,640	0,611	-0,116	-0,626	0,275	0,266	-0,380
FDN		1	0,782	-0,739	0,721	0,790	0,180	0,191	-0,013
FDA			1	-0,868	0,701	0,942	0,076	0,097	0,152
DIVMO				1	-0,632	-0,812	-0,041	-0,034	-0,156
LIG					1	0,689	0,402	0,422	-0,172
CEL						1	0,050	0,067	0,157
MST							1	0,982	-0,581
MSF								1	-0,489
%F									1

Tabela 2. Correlações genotípicas entre os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO), lignina (LIG), celulose (CEL) e a produção de matéria seca total (MST), matéria seca de folhas (MSF) e porcentagem de folhas (%F) em indivíduos híbridos de *P. maximum*.

	PB	FDN	FDA	DIVMO	LIG	CEL	MST	MSF	%F
PB	1	-0,330	-0,713	0,580	-0,342	-0,654	-0,110	-0,125	-0,092
FDN		1	0,476	-0,489	0,291	0,519	0,005	0,019	0,100
FDA			1	-0,708	0,670	0,858	0,263	0,281	0,020
DIVMO				1	-0,585	-0,486	-0,266	-0,275	0,000
LIG					1	0,601	0,397	0,406	-0,143
CEL						1	0,124	0,150	0,088
MST							1	0,992	-0,441
MSF								1	-0,361
%F									1

Tabela 3. Correlações ambientais entre os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO), lignina (LIG), celulose (CEL) e a produção de matéria seca total (MST), matéria seca de folhas (MSF) e porcentagem de folhas (%F) em indivíduos híbridos de *P. maximum*.

	PB	FDN	FDA	DIVMO	LIG	CEL	MST	MSF	%F
PB	1	-0,155	-0,655	0,594	-0,169	-0,495	-0,048	-0,040	0,020
FDN		1	0,571	-0,394	0,380	0,570	-0,008	0,019	0,064
FDA			1	-0,701	0,548	0,790	0,034	0,046	0,010
DIVMO				1	-0,479	-0,440	-0,045	-0,047	0,020
LIG					1	0,570	0,081	0,104	-0,037
CEL						1	0,041	0,061	0,042
MST							1	0,954	-0,420
MSF								1	-0,230
%F									1

