



Simulação de pastejo na seleção para valor nutritivo no melhoramento de *Brachiaria humidicola*¹

Ulisses José de Figueiredo², José Airton Rodrigues Nunes³, Cacilda Borges do Valle^{4*}, Sanzio Carvalho Lima Barrios⁴, Geovani Ferreira Alves⁵

¹Financiado pela Embrapa e pela Unipasto

²Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras. Bolsista de Doutorado do CNPq. e-mail: ujfigueiredo@yahoo.com.br

³Departamento de Biologia - UFLA/Lavras. e-mail: jarnunes@dbi.ufla.br

⁴Embrapa Gado de Corte/Campo Grande. *Bolsista do CNPq. e-mail: cacilda@cnpqc.embrapa.br; sanzio@cnpqc.embrapa.br

⁵Bolsista DCR- CNPq/FUNDECT na Embrapa Gado de Corte. email: gfalves@cnpqc.embrapa.br

Resumo: A simulação manual de pastejo é usada como estimativa da qualidade da dieta selecionada por bovinos, mas do ponto de vista de seleção indireta para o valor nutritivo de folha e colmo em programas de melhoramento é interessante que essa técnica apresente associação genética entre os caracteres de interesse. O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de correlações genéticas entre caracteres relacionados ao valor nutritivo obtidos via simulação de pastejo com aqueles mensurados a partir dos componentes folha, colmo e planta inteira. Foram avaliadas progênies de *Brachiaria humidicola* no delineamento em blocos ao acaso com oito repetições em seis cortes. A simulação de pastejo foi realizada antes dos cortes, e após os cortes foram retiradas amostras para separação botânica e posterior determinação do valor nutritivo. As correlações genéticas especialmente entre a simulação de pastejo e a planta inteira foram de altas magnitudes, com exceção para proteína bruta. Também as correlações entre a fibra de detergente neutro (FDN) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha foram de alta magnitude, bem como para a FDN, fibra em detergente ácido e lignina do colmo. Os resultados confirmaram o mérito em utilizar a simulação de pastejo como parâmetro de seleção no melhoramento de forrageiras visando uma avaliação indireta do valor nutritivo dos componentes folha, colmo, e planta inteira.

Palavras-chave: acurácia, correlação, forragem, genética, melhoramento.

Hand-plucked samples in the selection for nutritive value in breeding of *Brachiaria humidicola*

Abstract: Hand-plucked samples is used to estimate the quality of the diet selected by cattle, but from the standpoint of indirect selection in breeding programs for improvement in the nutritional value of leaf and stem it is interesting that the genetic association between the characters be determined. The objective here was to estimate genetic correlations of the nutritive value of hand-plucked samples with the leaf and stem components of plant and also with the whole plant. Progenies of *Brachiaria humidicola* was evaluated though a randomized blocks design with eight replications in six cuts. The hand-plucked samples were taken right before cutting and after each cut samples were collected for botanical separation and subsequent determination of nutritive value. Genetic correlations especially between the hand-plucked samples and whole plant were of high magnitude, except for crude protein. The correlations between neutral detergent fiber (NDF) and *in vitro* digestibility of organic matter of leaf were also of high magnitude, and for the stem, NDF, acid detergent fiber and lignin were also high. Thus the results confirm the merit in using hand-plucked samples as a selection parameter in the breeding of forages for and indirect evaluation of nutritive value of leaf, stems and whole plants.

Keywords: accuracy, breeding, correlation, forage, genetics.

Introdução

Em programas de melhoramento de plantas forrageiras a ênfase tem sido em selecionar genótipos superiores quanto a caracteres relacionados ao desempenho agrônômico, tais como produtividade de matéria seca total e foliar, capacidade de rebrota, resistência a doenças e patógenos. Mas, muito importante é determinar o valor nutritivo nas fases iniciais a fim de selecionar genótipos que proporcionem uma boa produção animal. Avaliações de qualidade forrageira são caras e trabalhosas daí o interesse em desenvolver metodologias que mais se aproximem do valor nutritivo da forragem consumida por animais em pastejo. Os animais ruminantes são seletivos e em sua dieta a preferência é principalmente pelo componente folha da planta por conter maiores teores de nutrientes digestíveis. Maior porcentagem de folha do que colmo e material morto foi encontrada na extrusa de animais fistulados no esôfago em pastejo de capim-marandu (Trindade et al., 2007). Assim, o mais interessante em um programa de melhoramento é selecionar genótipos que apresentem grande quantidade e melhor valor nutritivo de folhas quando comparado à planta inteira (folha, colmo e material morto), porém sua determinação é trabalhosa, pois requer a separação botânica nos componentes da planta seguida de todo processamento em separado. Neste sentido, a



simulação de pastejo (SP) realizada manualmente é prática e tem interessante potencial de uso, pois apresenta estimativas satisfatórias da composição bromatológica da dieta ingerida por animais em pastejo (Moraes et al., 2005). Contudo, é necessário certificar-se que a seleção realizada com base no valor nutritivo das amostras obtidas pela SP também trará ganhos para o componente folha da planta, já que esse é selecionado preferencialmente pelos animais ruminantes. Portanto, a associação genética entre caracteres pode ser utilizada, pois em havendo a associação entre dois caracteres, a seleção em um implicará em ganhos semelhantes para o outro.

Dessa forma, o objetivo desse estudo foi obter estimativas de correlações genéticas do valor nutritivo da SP com os componentes folha e colmo da planta e também da planta inteira em progênies de *Brachiaria humidicola*.

Material e Métodos

O experimento foi realizado na EMBRAPA Gado de Corte, Campo Grande, MS, (Latitude 20°27' S, Longitude 54°37' W e Altitude 530 m) em solo Latossolo Roxo Álico. A instalação foi feita em janeiro de 2007 em delineamento em blocos ao acaso com oito repetições e fez-se um corte de uniformização no mês de abril. Foram avaliadas 50 progênies de *B. humidicola* e os seus genitores, a cv. Tupi e o genitor H31, ambos hexaplóides (2n=6x=36). As parcelas experimentais tinham 3,0 m², e a área útil foi de 2,0 m².

Os cortes foram realizados em todas as repetições nas seguintes datas: 21/01/2008, 08/10/2008, 09/12/2008, 28/01/2009, 02/04/2009 e 12/07/2010, porém as amostras para obtenção do valor nutritivo foi feita em cada parcela experimental de apenas quatro repetições, separadas em folhas, colmos e material morto, e secas em estufa de ventilação forçada a 65°C até atingir peso constante. Antes da realização dos cortes foi feita a SP manualmente em três a quatro pontos de cada unidade experimental para compor uma amostra. Estas também foram secas em estufa. A determinação do valor nutritivo foi feita por espectrometria de infravermelho (NIRS). Os caracteres de valor nutritivo (em porcentagem) determinados para a SP, e para folha e colmo foram: proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina (Lig) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO). Além disso, foi estimado o valor nutritivo para planta inteira com base na média ponderada de cada caractere pela porcentagem de folha e colmo de cada parcela experimental.

Inicialmente realizou-se uma análise univariada para cada corte, verificou-se o indicativo de heterogeneidade de variâncias residuais com base na herdabilidades individuais e assim padronizou-se os dados fenotípicos a partir da multiplicação dos dados de cada caráter em cada corte pela expressão $\sqrt{h_{ik}^2} / \sqrt{\bar{h}_i^2}$, em que h_{ik}^2 é a herdabilidade individual para o caráter i no corte k e \bar{h}_i^2 : média das herdabilidades individuais dos k cortes para o caráter i. A análise dos dados foi realizada usando a abordagem de modelos mistos empregando-se o software SELEGEN REML/BLUP (Resende, 2007). O modelo estatístico matricial usado foi:

$$y^p = X_m + Z_g + W_p + e$$

em que: y^p : vetor de dados; m, g, p, e: vetores de efeito das combinações medição-repetição (fixos) somados a média geral, de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), vetor de efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e vetor de erros; e X, Z e W: matrizes de incidência para m, g e p, respectivamente.

As estimativas das correlações genéticas ($r_{G(x,y)}$) entre os caracteres avaliados foi obtida de acordo com a fórmula: $r_{G(x,y)} = COV_{G(x,y)} / \sqrt{\sigma_{G_x}^2 \cdot \sigma_{G_y}^2}$, em que $COV_{G(x,y)}$: covariância genética entre o desempenho das progênies para os caracteres x e y; $\sigma_{G_x}^2$ e $\sigma_{G_y}^2$: variâncias genéticas entre as progênies para os caracteres x e y. Utilizou-se o procedimento descrito em Holland (2006) para a obtenção dos erros padrões associados às correlações genotípicas.

Resultados e Discussão

Os caracteres avaliados tiveram alta precisão experimental com exceção de PB de forma geral, Lig da folha, DIVMO do colmo e FDN da planta inteira, em que a precisão foi moderada (Tabela 1). Segundo Resende & Duarte (2007) a seleção sob acurácias acima de 67% apresentam boa confiabilidade, indicando que a correlação entre o valor genotípico real do tratamento genético sob teste e aquele estimado ou predito com base nos dados fenotípicos é expressiva.

Em programas de melhoramento a estimação da correlação genética entre caracteres é de grande relevância para o entendimento do comportamento conjunto dos caracteres alvos. Isto porque a alta associação entre dois caracteres permite fazer uma seleção indireta, haja vista que os mesmos são controlados por genes que são pleiotrópicos e/ou então ligados (Falconer & Mackay, 1996). Os caracteres de valor nutritivo de amostras obtidas pela SP apresentaram correlações genéticas satisfatórias com a maioria dos caracteres dos componentes folha e colmo, bem como para a planta inteira (Tabela 1). Do ponto de vista genético, essas altas magnitudes de correlação genética significam que a seleção indireta do valor nutritivo pela SP poderá trazer ganhos para os caracteres citados para folha, colmo e planta inteira, especialmente para os caracteres FDN, FDA, DIVMO e Lig da planta inteira;



FDN e DIVMO da folha; FDN, FDA e Lig do colmo onde as correlações foram de grande magnitude. No entanto para PB foram observadas correlações medianas, bem como para FDA e Lig da folha, e DIVMO do colmo.

Tabela 1. Estimativas da acurácia seletiva (AS), correlações genéticas (r_G) e erro padrões para os caracteres de valor nutritivo das amostras de simulação de pastejo com os da folha, do colmo e da planta inteira obtidos com base na avaliação de progênies de *Brachiaria humidicola*, em seis cortes.

	Simulação de pastejo									
	PB		FDN		FDA		DIVMO		Lig	
	AS	r_G	AS	r_G	AS	r_G	AS	r_G	AS	r_G
Folha	0,80	0,53 ± 0,18	0,78	0,66 ± 0,14	0,67	0,36 ± 0,20	0,75	0,66 ± 0,11	0,46	0,63 ± 0,31
Colmo	0,46	0,20 ± 0,33	0,70	0,69 ± 0,16	0,76	0,76 ± 0,12	0,56	0,54 ± 0,23	0,81	0,86 ± 0,10
Planta inteira	0,49	0,59 ± 0,26	0,60	0,85 ± 0,13	0,71	0,84 ± 0,10	0,67	0,90 ± 0,09	0,74	0,85 ± 0,12
Sim. de pastejo	0,52	-	0,86	-	0,82	-	0,84	-	0,84	-

PB: proteína bruta (%MS); FDN: fibra em detergente neutro (%MS); FDA: fibra em detergente ácido (%MS); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); Lig: lignina (%MS).

A seleção de plantas forrageiras concentra-se basicamente em caracteres de valor nutritivo das folhas, pois este componente da planta é preferencialmente selecionado por animais ruminantes (Trindade et al., 2007). Assim, a SP poderá ser adotada com segurança como ferramenta na seleção de genótipos com base no teor de FDN e na porcentagem de DIVMO da folha. Essa confirmação genética de que os genes do valor nutritivo com base na SP e folha estão ligados ou são pleiotrópicos e que a SP é um bom indicador do valor nutritivo real da forragem ingerida (Moraes et al., 2005) traz uma maior confiabilidade para o melhorista em utilizar somente as amostras da SP para determinação do valor nutritivo.

Conclusões

As correlações genéticas para os caracteres de valor nutritivo da simulação de pastejo foram de mediana e alta magnitude com a planta inteira, os componentes folha e colmo. A simulação de pastejo confirmou ser uma ferramenta prática e confiável na determinação do valor nutritivo de plantas forrageiras em parcelas experimentais.

Agradecimentos

Agradecimento ao CNPq pela bolsa concedida ao primeiro autor, a Embrapa e à Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais (UNIPASTO) pelo financiamento parcial do projeto.

Literatura citada

- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. (1996) **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 463p.
- HOLLAND, J. B. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. **Crop Science**, Madison, v. 64, n. 2, p. 642-654, Mar./Apr. 2006.
- MORAES, E. H. B. K de et al. Avaliação Qualitativa da Pastagem Diferida de *Brachiaria decumbens* Stapf., sob Pastejo, no Período da Seca, por Intermédio de Três Métodos de Amostragem. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 34, p. 30-35, 2005.
- RESENDE, M. D. V. de. (2007) **Software SELEGEN – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, v.1, 359 p.
- RESENDE, M. D. V. de.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 182-194, 2007.
- TRINDADE, J. K. D. et al. Composição morfológica da forragem consumida por bovinos de corte durante o rebaixamento do capim-marandu submetido a estratégias de pastejo rotativo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 6, p. 883-890, jun. 2007.