



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E
MORFOAGRONÔMICA COMO BASE PARA SELEÇÃO
GENÔMICA EM *Urochloa ruziziensis***

ÉRIKA MOREIRA DOS SANTOS

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM AGRONOMIA

BRASÍLIA/DF
FEVEREIRO/2024



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E MORFOAGRONÔMICA COMO
BASE PARA SELEÇÃO GENÔMICA EM *Urochloa ruziziensis***

ÉRIKA MOREIRA DOS SANTOS

ORIENTADOR: RICARDO CARMONA
CO-ORIENTADOR: MARCO AURÉLIO CALDAS DE PINHO PESSOA-FILHO

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM AGRONOMIA

PUBLICAÇÃO: NÚMERO DA DISSERTAÇÃO/2024

BRASÍLIA/DF
FEVEREIRO/2024



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E MORFOAGRONÔMICA
COMO BASE PARA SELEÇÃO GENÔMICA EM *Urochloa*
*ruziziensis***

ÉRIKA MOREIRA DOS SANTOS

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO SUBMETIDA AO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA, COMO PARTE DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO GRAU DE MESTRE EM AGRONOMIA.

APROVADA POR:

Ricardo Carmona, Dr. (Universidade de Brasília).
(Orientador) e-mail: rcarmona@unb.br



Documento assinado digitalmente
RICARDO CARMONA
Data: 23/02/2024 13:41:44-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Marco Aurélio Caldas de Pinho Pessoa Filho, Dr. (Embrapa Cerrados).
(Coorientador) e-mail: marco.pessoa@embrapa.br



Documento assinado digitalmente
MARCO AURELIO CALDAS DE PINHO PESSOA FILHO
Data: 23/02/2024 10:51:49-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Nicolau Brito da Cunha Dr. (Universidade de Brasília).
(Examinador interno) e-mail: nicolau.cunha@unb.br



Documento assinado digitalmente
NICOLAU BRITO DA CUNHA
Data: 23/02/2024 09:58:15-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Marcelo Ayres Carvalho, Dr. (Embrapa Cerrados).
(Examinador externo) e-mail: marcelo.ayres@embrapa.br



Documento assinado digitalmente
MARCELO AYRES CARVALHO
Data: 23/02/2024 09:00:38-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

BRASÍLIA/DF, 19 DE FEVEREIRO DE 2024.

FICHA CATALOGRÁFICA

dos Santos, Érika Moreira

Caracterização molecular e morfoagronômica como base para seleção genômica em *Urochloa ruziziensis*. / Érika Moreira dos Santos orientação de Ricardo Carmona e Marco Pessoa-Filho. – Brasília, 2024.

81 p.: il.

Dissertação de Mestrado (M) – Universidade de Brasília/Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2024.

1. Forrageira. 2. Genotipagem. 3. Fenotipagem. 4. Sementes. I. dos Santos, E. M. II. Caracterização molecular e morfoagronômica como base para seleção genômica em *Urochloa ruziziensis*.

CDD ou CDU

Agris / FAO

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

DOS SANTOS, E. M. **Caracterização molecular e morfoagronômica como base para seleção genômica em *Urochloa ruziziensis***. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2024, 81 p. Dissertação de Mestrado.

CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: ÉRIKA MOREIRA DOS SANTOS

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E MORFOAGRONÔMICA COMO BASE PARA SELEÇÃO GENÔMICA EM *UROCHLOA RUZIZIENSIS*.

GRAU: MESTRADO

ANO: 2024

É concedida à Universidade de Brasília de Brasília permissão para reproduzir cópias desta dissertação de mestrado para única e exclusivamente propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta dissertação de mestrado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor. Citações são estimuladas, desde que citada à fonte.

Nome: ÉRIKA MOREIRA DOS SANTOS

CPF: 700.388.816-59

Endereço: Quadra 1A, conjunto A, casa 14, Arapoanga, Planaltina, Distrito Federal

Tel.: 61 99840-351 Email: erikamoreirasatos15@gmail.com

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho aos meus pais, **Manoel** e **Vanuza**, fonte inesgotável de amor, bondade e honestidade. E ao meu avô, **Cândido**, *in memoriam*, por ser minha grande inspiração; sua presença e ensinamentos continuam a guiar meu caminho com sabedoria e amor.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, meu sustento para chegar até aqui.

Aos meus Pais, Manoel Silveira dos Santos e Vanuza Moreira da Silva, com gratidão, reconheço o constante apoio, estímulo e dedicação que sempre demonstraram, incentivando-me a alcançar meus objetivos.

Ao meu irmão, João Vitor, por seu apoio e carinho de um jeito único.

Aos demais membros da minha família, que sempre estiveram presentes em todas as etapas de minha vida.

À Universidade de Brasília e professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pelo conhecimento que me foi transferido.

À CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

À UNIPASTO, pelo financiamento do projeto de campo.

À Embrapa Cerrados, por disponibilizar as dependências para condução deste trabalho.

Ao Professor Ricardo Carmona pela orientação, apoio e pelos seus ensinamentos durante este período.

Ao Dr. Marco Aurélio de Caldas Pinho Pessoa Filho, pela co-orientação, ensinamento, confiança e incentivo.

Aos pesquisadores Dr. Carlos Eduardo Lazarini da Fonseca, Dr. Cláudio Takao Karia e Dr. Allan Kardec Braga Ramos, pelo suporte, incentivo, colaboração e ensinamentos.

Aos funcionários da Embrapa Cerrados: Suelen, Natália, Evaldo, Edson Inácio e Edson Xavier; aos funcionários da Unipasto: Heberton, Júlio, Ronaldo e Jean pela ajuda na condução dos experimentos em campo e em laboratório.

Aos estagiários Ianny, Mylena, Pedro, Gustavo, Krystian, João Marcelo e Mikael pela amizade e ajuda nas avaliações.

Aos amigos que conquistei na Pós-Graduação e aos amigos de longa data (Alane, Arlini, Darley, Fernanda, Flávio e Jamile), pela força e pelos momentos de descontração.

Aos membros da banca de defesa Dr. Nicolau Brito da Cunha e Dr. Marcelo Ayres Carvalho pela disponibilidade e sugestões para o trabalho.

Àqueles que de alguma forma contribuíram, para a realização deste trabalho, mesmo que não citados, agradeço imensamente.

A todos vocês, muito obrigada!

“É justo que muito custe o que muito vale.”

Santa Teresa D'Ávila

RESUMO

A gramínea *Urochloa ruzizensis*, tem se destacado no cenário agropecuário devido a sua plasticidade fenotípica, sendo utilizada em pastagens e em sistemas de integração como planta de cobertura. A pesquisa foi realizada na Embrapa Cerrados, e teve como objetivo principal a caracterização de braquiária ruzizensis (*U. ruzizensis*) por meio de descritores morfológicos, agronômicos e moleculares. Esta caracterização foi realizada utilizando uma população representativa da Coleção de Base da Embrapa, incluindo acessos, além de parentais e famílias de meios-irmãos desenvolvidos a partir de genótipos da coleção. Os métodos empregados incluíram extrações de DNA, genotipagem, análise dos dados genômicos; colheitas de forragem para estimativa de produtividade e análise bromatológica, estimativa da herdabilidade, ganhos de seleção e correlação genética entre as características observadas, além de colheitas de sementes e avaliações dos componentes de produção de sementes, germinação, viabilidade e dormência. Todos esses dados foram analisados para fornecer uma compreensão abrangente da diversidade fenotípica, genética e molecular de braquiária ruzizensis. Os resultados possibilitaram avaliar a diversidade genética em escala genômica; permitiram observar a variabilidade genética e fenotípica presente na espécie, estimando os ganhos potenciais de seleção e ainda a identificação de genótipos superiores para produção e qualidade de matéria seca e de sementes. Essas informações não apenas enriquecem o conhecimento científico sobre a espécie em estudo, como também direcionam os processos de seleção, visando o desenvolvimento de cultivares mais produtivos, com alto valor bromatológico, potencial de produção de sementes e adaptados às condições edafoclimáticas do cerrado brasileiro.

Palavras-chave: braquiária ruzizensis, caracterização, melhoramento genético, variabilidade genética, análise bromatológica, sementes

ABSTRACT

The grass *Urochloa ruziziensis* has stood out in the agricultural scenario due to its phenotypic plasticity, being used in pastures and mostly in crop livestock integration systems as a cover crop. The research was conducted at Embrapa Cerrados and aimed to characterize *U. ruziziensis* through morphological, agronomic, and molecular descriptors. This characterization was performed using a representative population from Embrapa's Base Collection, including accessions, parents, and half-sibling families. The methods employed included DNA extractions, genotyping, analysis of genomic data, forage harvesting for productivity estimation and bromatological analysis, assessment of heritability, selection gains, and genetic correlation among observed traits, as well as seed harvesting and evaluations of seed production components, germination, viability, and dormancy. All these data were analyzed to provide a comprehensive understanding of the molecular, genetic, and phenotypic diversity of *U. ruziziensis*. The results enabled the estimation of genetic diversity on a genomic scale, allowing the observation of genetic and phenotypic variability present in the species, estimating gains in the next selection cycles, and identifying genotypes with greater potential for seed production and quality. This information not only enriches the scientific knowledge about the forage under study but also guides selection processes, aiming for more productive materials, with high bromatological value, and adapted to the soil and climatic conditions of the Brazilian cerrado.

Keywords: *Urochloa ruziziensis*, genetic improvement, variability, seeds

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	7
HIPÓTESES.....	9
OBJETIVOS	9
Objetivo Geral.....	9
Objetivos Específicos.....	9
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	9
Braquiária (<i>Urochloa</i> syn. <i>Brachiaria</i>).....	9
Braquiária ruziziensis (<i>U. ruziziensis</i>).....	10
Caracterização Molecular.....	11
Marcador SNP - <i>Single Nucleotide Polymorphism</i>	12
Caracterização Morfológica e Agronômica.....	13
Qualidade bromatológica de <i>U. ruziziensis</i>	15
Produtividade e qualidade de sementes.....	15
REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICAS	17
CAPÍTULO 1. DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE ACESSOS DE <i>UROCHLOA RUZIZIENSIS</i> GENOTIPADOS COM MARCADORES SNPS.....	25
INTRODUÇÃO	28
MATERIAL E MÉTODOS	29
Extração de DNA	29
Genotipagem e preparação de dados.....	31
Análise de dados	31
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	31
CONCLUSÃO	34
Referências bibliográficas.....	35

CAPÍTULO 2. PRODUTIVIDADE DE FORRAGEM E VALOR NUTRITIVO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE <i>UROCHLOA RUZIZIENSIS</i>	38
INTRODUÇÃO	41
MATERIAL E MÉTODOS	43
RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
CONCLUSÃO	50
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	50
ANEXOS.....	55
CAPÍTULO 3. VARIABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE <i>UROCHLOA RUZIZIENSIS</i> PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE SEMENTES	58
INTRODUÇÃO	61
MATERIAL E MÉTODOS	62
RESULTADOS E DISCUSSÃO	65
Produtividade	65
Viabilidade, germinação e dormência	67
CONCLUSÃO	72
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	72
ANEXOS.....	76

LISTA DE TABELAS

Tabela 1.1. Média geral, média das famílias selecionadas com pressão de seleção (MFS 5%), ganho de seleção (GS), média esperada na próxima geração (MEPG 5%) e herdabilidade em sentido restrito (h^2).....	55
Tabela 1.2. Correlações lineares simples, diagonal parte superior da tabela, e correlações genéticas, diagonal parte inferior, entre características de qualidade e produtividade para famílias de meios-irmãos de <i>U. ruziziensis</i>	57
Tabela 2.1. Resumo da análise de variância para os componentes de produção de sementes comparando 24 genótipos de <i>U. ruziziensis</i>	76
Tabela 2.2. Parâmetros de produtividade de sementes de 24 genótipos de uma população melhorada de <i>U. ruziziensis</i>	77
Tabela 2.3. Resumo da análise de variância de viabilidade, germinação e dormência de sementes de 24 genótipos de <i>U. ruziziensis</i>	78
Tabela 2.4. Viabilidade (TZ), germinação (GTC, GTA e MG) e dormência (DMC) de sementes de 24 genótipos de uma população melhorada de <i>U. ruziziensis</i>	79
Tabela 2.5. Correlações lineares simples, diagonal parte superior da tabela, entre componentes de produção e qualidade de sementes para genótipos de <i>U. ruziziensis</i>	80

LISTA DE FUGURAS

Figura 1.1: Árvore Neighbor-Joining baseada na distância genética de plantas individuais de acessos e uma cultivar de <i>U. ruziziensis</i> , obtida por marcadores SNPs.....	32
Figura 1.2: Análise Discriminante de Componentes Principais (DAPC) de 11 acessos e 1 cultivar de <i>U. ruziziensis</i> com base em marcadores SNPs.....	33
Figura 1.3: Gráfico de queda do desequilíbrio de ligação (r^2) em comparação com par de marcadores com distâncias de até 1 Mpb.....	33
Figura 2.1. Correlação PCA das variáveis em estudo e seus respectivos <i>clusters</i> , constituídos por 178 famílias de meios-irmãos de <i>U. ruziziensis</i>	56
Figura 3.1. Coletores de sementes instalados no campo experimental (A) e detalhe do coletor (B).	81
Figura 3.2. Sementes viáveis (A) e não viáveis (B) de <i>U. ruziziensis</i> em teste de tetrazólio.	81

INTRODUÇÃO

FORAGEIRAS tropicais são plantas leguminosas e gramíneas utilizadas para consumo animal, principalmente em pastagens, bem como para cobertura de solo em diferentes sistemas agropecuários. Dentre as forrageiras, as gramíneas compõem a base para a alimentação bovina no país, devido a sua capacidade de reduzir custo de produção quando comparados a alimentação a cocho e ainda melhorar a qualidade de carne e leite. As braquiárias, em especial, se destacam neste quesito devido a sua qualidade forrageira superior e sua plasticidade em se adaptar a diversos ambientes e suportar as intempéries do meio, como estresse hídrico, regiões alagadas e diferentes tipos de solos (Reis et al., 2021).

No último trimestre de 2023 o Brasil obteve um abate de 9,05 milhões de cabeças de bovinos e uma produção de 6,43 bilhões de litros de leite (IBGE, 2024). Apenas 15% do rebanho produzido no Brasil são provenientes de confinamento, com o restante distribuído nos 165,2 milhões de hectares de pastagens que cobrem os solos brasileiros, 85% das quais são compostas por plantas do gênero *Urochloa* (Santos, 2022).

Entre as 110 espécies do gênero *Urochloa*, as mais utilizadas como plantas forrageiras são *Urochloa brizantha*, *Urochloa decumbens*, *Urochloa ruziziensis* e *Urochloa humidicola*. Dessas quatro forrageiras citadas, *U. ruziziensis* é a única espécie exclusivamente sexual e diploide. O interesse e uso por essa espécie de braquiária está em expansão devido ao seu crescente uso em sistemas de integração-lavoura-pecuária. Embora *U. brizantha* e *U. decumbens* sejam mais encontradas em áreas de pastagens, quando se trata de plantas de cobertura, elas não demonstram a mesma adaptação à que *U. ruziziensis* apresenta em sobressemeadura em plantio direto (Embrapa, 2022).

A espécie pode ter dupla aptidão, sendo utilizada tanto para alimentação animal, como para cobertura de solo na entressafra. Uma vantagem adicional do capim-ruziziensis é sua sensibilidade a herbicidas. Essa característica facilita a dessecação, permitindo que o produtor utilize doses menores de dessecantes antes do plantio direto, o que acarreta redução no custo de produção. (EMBRAPA, 2022).

Aproximadamente 17 milhões de hectares são cultivados em sistema de integração lavoura-pecuária-floresta (ILPF) no país, e estima-se que esse valor possa chegar a 48 milhões de hectares, abrangendo áreas improdutivas, como aquelas com pastagens degradadas (EMBRAPA, 2020). A área de pastagens no Brasil é de aproximadamente 177 milhões de hectares, dos quais aproximadamente 60% possuem sinais de degradação ou degradação severa (UFG, LAPIG, 2022). Estudos recentes estimam que aproximadamente 28 milhões de hectares dessas áreas têm alto potencial para produção agrícola (Bolfé et al., 2024). É possível que a incorporação dessas áreas

para agricultura potencialize a utilização de braquiária *ruziziensis* em sistemas integrados e como planta de cobertura, com aumento de demanda por materiais indicados para nichos específicos.

Mesmo havendo lançamento de novas cultivares de gramíneas forrageiras tropicais, nestas últimas décadas os ganhos genéticos por ciclo de seleção têm sido pequenos em comparação aos ganhos genéticos de grandes culturas. Dados na literatura que quantifiquem taxas de ganho genético em programas de melhoramento de forrageiras tropicais são limitados. Entretanto, considerando-se o tempo necessário por ciclo de seleção (entre 2 e 3 anos), um aumento nas taxas de ganho genético poderia ser obtido por meio da utilização de metodologias que reduzam o tempo dos ciclos, fazendo a seleção precoce de indivíduos superiores para novos cruzamentos. Recentemente, metodologias baseadas em seleção genômica, que aliam informações genótípicas e fenotípicas para características de controle genético complexo, que envolvem a interação de vários genes, têm sido aplicadas em diferentes culturas agrônomicas, como o milho (Simeão et al., 2021).

A aplicação dessas metodologias já tem acontecido na rotina de programas de melhoramento de *commodities* como soja e milho, além de programas de melhoramento genético animal. Sua aplicação em melhoramento de forrageiras depende da disponibilidade de ferramentas moleculares de baixo custo, além de informação fenotípica de alta qualidade para características de interesse dos programas, como produtividade de forragem, qualidade bromatológica e produtividade de sementes (Simeão et al., 2021).

A caracterização morfológica é a maneira mais prática de avaliar a diversidade genética que está presente nos recursos genéticos disponíveis para uma determinada espécie, como base para a condução de programas de melhoramento vegetal. Além disso, a caracterização morfológica pode complementar a caracterização agrônômica, contribuir para agregar informações a respeito de classificação, descrição e caracterização do material conservado e mantido em bancos de germoplasma (Oliveira, 2018).

Entretanto, características agrônomicas podem ser influenciadas por fatores ambientais e do estágio de desenvolvimento da planta. A caracterização molecular tem como vantagem o fato que, independentemente das condições ambientais, o DNA apresentará consideráveis níveis de polimorfismo que possibilitam o detalhamento da estrutura genética da população (Williams et al., 1990).

Este trabalho se insere no contexto de projetos da Embrapa que têm por objetivo a implementação de uma rotina de seleção genômica no programa de melhoramento de *U. ruziziensis*. Para isso, é necessário que sejam validados marcadores moleculares desenvolvidos para a espécie, e que dados fenotípicos de uma população de treinamento sejam obtidos e analisados. Este projeto apresenta a genotipagem de acessos do banco ativo de germoplasma e a caracterização fenotípica de uma população de *U. ruziziensis*.

HIPÓTESES

Existe diversidade genética suficiente em uma população de *U. ruzizensis* que poderá proporcionar ganhos genéticos expressivos para características de interesse em programas de melhoramento genético da espécie.

A diversidade genética existente na população, se acessada via competição de famílias de meios-irmãos de *U. ruzizensis*, poderá trazer ganhos reais na seleção entre famílias para maiores produtividades de forragem e de sementes.

OBJETIVOS

Objetivo Geral

Caracterizar uma população de *U. ruzizensis* com fundamento em descritores morfológicos, agrônômicos e moleculares, por meio de avaliação de genótipos, além de parentais e famílias de meios-irmãos desenvolvidos a partir de genótipos da coleção de base da Embrapa, como base metodológica para subsequente seleção genômica no melhoramento da espécie

Objetivos Específicos

- Caracterizar a diversidade e estrutura genética de acessos de *U. ruzizensis* com base em marcadores moleculares.
- Realizar a caracterização morfológica e agrônômica de parentais e suas famílias de meios-irmãos para produção de forragem e valor nutricional.
- Realizar a caracterização da produtividade e qualidade de sementes dos parentais das famílias de meios-irmãos superiores.

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Braquiária (*Urochloa* syn. *Brachiaria*)

Originário do continente africano, o gênero *Urochloa* (syn *Brachiaria*) pertence à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Paniceae, subtribo Melinidinae. Essas plantas monocotiledôneas (Ferreira et al., 2021) estão presentes na maior parte das pastagens que cobrem o solo do território nacional. No Cerrado brasileiro é possível observar aproximadamente 85% de pastagens oriundas deste gênero (Valle et al., 2009; Neves et al., 2018).

Distribuídas nos trópicos, com diferentes tipos de reprodução e ploidias, as gramíneas do gênero *Urochloa* compreendem cerca de 110 espécies. No Brasil, ocorrem aproximadamente 15 espécies, sendo que sete delas (*U. brizantha*, *U. ruzizensis*, *U. decumbens*, *U. humidicola*, *U.*

dictyoneura, *U. vittata* e *U. radicans*) foram introduzidas no país a partir do final da década de 70 e início da de 80 do século XX. Outras três espécies foram introduzidas, porém são consideradas naturalizadas devido a sua introdução ainda no período colonial (*U. extensa*, *U. purpurascens* e *U. plantaginea*) e cinco são nativas (*U. adspersa*, *U. fasciculata*, *U. mollis*, *U. reptans* e *U. venezuelae*). Entretanto, do ponto de vista agrônômico, as mais utilizadas são *U. brizantha*, *U. decumbens*, *U. ruziziensis* e *U. humidicola* (Valle et al., 2022; Sendulsky, 1977).

Urochloa brizantha é bastante conhecida devido à *U. brizantha* cv. Marandu, cultivar com ampla utilização no Brasil, com boa adaptação a diferentes condições de cultivo. Ela possui resistência às cigarrinhas das pastagens, se adapta bem aos solos do Cerrado, tem adequado valor nutricional, boa produção de sementes viáveis, elevada produção de matéria verde e boa capacidade de rebrota (Pereira, 2019). *Urochloa decumbens* apresenta plantas de porte mais prostrado, com folhas lanceoladas com expressiva pilosidade, suporta o pisoteio, mas é suscetível à cigarrinha das pastagens (Da Silva, 2019). *Urochloa ruziziensis* detém boa capacidade de rebrota, produção de palhada e valor nutricional, sendo utilizada principalmente em sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta (ILPF) (Martins, 2013). Sua utilização em pastagens é limitada também pela suscetibilidade às cigarrinhas das pastagens. *Urochloa humidicola* é tolerante a solos encharcados e pode ser utilizada em consorciação com outros materiais, como por exemplo amendoim forrageiro (*Arachis pintoi*) (Sales et al., 2020).

Programas de melhoramento de braquiária procuram selecionar plantas e obter híbridos que combinam características desejáveis, como melhor produtividade, elevado teor nutricional, adaptação a solos ácidos, resistência às cigarrinhas-das-pastagens e a outras pragas e doenças (Valle et al., 2004).

A maioria das espécies de *Urochloa* utilizadas como forrageiras são apomíticas e poliploides. Elas produzem sementes clones da planta-mãe, e apresentam mais de duas cópias do número básico de cromossomos. Esses fatores tornam seu melhoramento mais complexo, dependendo do cruzamento com materiais sexuais para acessar a diversidade genética contida em genótipos apomíticos (Araújo et al., 2005). A *U. ruziziensis*, por ser uma braquiária exclusivamente sexual, é utilizada como base para a geração de novas cultivares (Valle et al., 1990). O número básico de cromossomos para o gênero *Urochloa* é $n = 9$, e o cruzamento entre diferentes espécies foi possível nos programas de melhoramento a partir da duplicação do número de cromossomos (tetraploidização artificial), transformando *U. ruziziensis* $2n = 2x = 18$ em $2n = 4x = 36$.

Braquiária ruziziensis (*U. ruziziensis*)

U. ruziziensis, que também pode ser chamada de capim-ruziziensis ou *Brachiaria ruziziensis*, é uma espécie diploide e alógama, o que a diferencia das demais espécies desse gênero utilizadas como plantas forrageiras.

Essa gramínea apresenta valores nutricionais adequados com cerca de 14% de proteína bruta (PB), 70% de digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS) e 60% de fibras em detergente neutro (FDN). A produção de sementes é uniforme, com florescimento somente uma vez por ano (Souza Sobrinho et al., 2022) e bom desenvolvimento em ambientes com fertilidade média e alta. Apresenta boa capacidade de rebrota logo no início do período chuvoso, baixa tolerância a umidade e aceitável tolerância ao frio (Martins, 2013).

O capim *ruziziensis* possui baixa tolerância à seca e suscetibilidade à cigarrinha das pastagens. É uma planta cespitosa, cujas folhas, geralmente, têm alta pilosidade e são macias. Possui racemos longos, espiguetas bisseriadas, ráquis achatada, larga e alada (Jungmann, 2009). Proporciona aroma peculiar que remete ao odor do capim gordura (*Melinis minutiflora*). É morfológicamente parecida com *U. decumbens*, levando a problemas na identificação entre essas duas espécies. A diferença entre elas pode ser observada nas folhas, pois em *U. ruziziensis* as folhas são decumbentes e muito pilosas com suas bordas onduladas, enquanto em *U. decumbens* as folhas são eretas, a margem plana e possuem baixa pilosidade em comparação a *U. ruziziensis* (Machado et al., 2013).

A espécie apresenta densa cobertura de solo, o que confere utilização tanto em pastagens como também em cultivos consorciados com plantas anuais, em Sistemas de Plantio Direto (SPD) e Integração lavoura-pecuária-floresta (ILPF), resultando em boa forma de sequestro de carbono, fixação de nitrogênio no solo, acúmulo de matéria orgânica e maior produtividade nas lavouras, além de controlar a incidência de plantas daninhas, pois a palhada produzida as abafa (Cecon, 2013).

A produção média de massa de forragem total de *U. ruziziensis* em período chuvoso, de novembro a abril, chegou em torno de 3.800 kg/ha em comparação com o capim-marandu que apresentou uma média de 4.410 kg/ha. Em períodos secos, a quantidade de matéria seca variou de aproximadamente 500 kg/MS/ha, em maio, para aproximadamente 1.500 kg/MS/ha em agosto. O capim-ruziziensis possui maior proporção de folhas verdes em comparação com a quantidade de material morto, em época de seca, obtendo como benefício um maior desempenho de animais quando entram na palhada após o período de safra (Paciullo et al., 2021).

Caracterização Molecular

A variabilidade genética é a presença ou a geração de diferenças genéticas em organismos ou populações. A variabilidade possibilita o avanço genético, permitindo estabelecer características mais vantajosas do ponto de vista evolutivo nas próximas gerações (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

Marcadores moleculares são fenótipos moleculares observáveis, cuja origem está em um segmento de DNA identificado, podendo ou não corresponder a uma região expressa ou regulatória. Eles facilitam o entendimento acerca da taxonomia vegetal, tendências evolutivas e genética. Os avanços científicos no desenvolvimento e uso de marcadores moleculares permitiram a aplicação dessas ferramentas em apoio ao processo de melhoramento genético, com aumento de precisão e poder (Faleiro, 2007). Marcadores moleculares são de grande importância em pesquisas que dão suporte a programas de melhoramento (Lee et al., 2016). Eles fornecem acesso direto à informação genética e são úteis para estimar a diversidade genética, identificação de contaminantes, mapeamento genético e identificação de parentais (Ahn et al., 2018).

Os tipos de marcadores moleculares existentes diferem na tecnologia utilizada, no custo, na capacidade de detectar variação interindividual, facilidade de uso, reprodutibilidade e consistência (Milach, 1998). Ainda, marcadores moleculares têm como vantagem em relação ao marcador agrônomo, a possibilidade de serem utilizados em estágios iniciais de desenvolvimento da planta (Ferreira e Grattapaglia, 1996). Portanto, é a simplicidade e a reprodutibilidade de um marcador que o faz ser preferível em um trabalho (Borém et al., 2021).

A utilização de marcadores moleculares associados a um gene de interesse é importante na seleção de genótipos de resistência, principalmente quando estudos de melhoramento visam introduzir dois ou mais genes de resistência, quando a determinação fenotípica é complexa ou quando o processo de avaliação requer alguma outra característica em específico (Lanza et al., 2000).

A caracterização molecular dos acessos que constituem bancos de germoplasma, tal como a determinação da diversidade genética e/ou das distâncias genéticas entre os acessos, são atividades fundamentais no manejo dessas coleções, cuja finalidade é a identificação e seleção de indivíduos com características de interesse aos programas de melhoramento (Sudré et al., 2010).

Dentre os tipos de marcadores moleculares disponíveis, os marcadores SNP (*single nucleotide-polymorphism*) têm sido cada vez mais aplicados na análise genética de plantas por apresentar vantagens significativas como codominância, multialelismo, alta frequência e distribuição aleatória no genoma, além de alto polimorfismo (Buso et al., 2016).

Marcador SNP - *Single Nucleotide Polymorphism*

Marcadores SNP (*single nucleotide polymorphism*) são modificações simples, em uma única base nitrogenada (G, C, A ou T) que podem ser percebidas na sequência de DNA quando

comparamos uma em relação a outra. O primeiro relato da existência de SNPs no genoma humano foi no final da década de 80 (Orita et al., 1989). Desde esse período até a atualidade, a descoberta de SNPs que afetam a atividade biológica tem sido cada vez mais frequente, devido aos avanços tecnológicos e metodológicos que tornaram a obtenção de dados genômicos mais acessível em grande escala para determinada espécie, seja ela vegetal ou animal. Assim, as informações geradas facilitam a análise genômica em vários níveis como na identificação de SNPs funcionais associados aos seus respectivos fenótipos (Martins, 2010).

Os SNPs apresentam-se como polimorfismos tetralélicos, trialélicos e como é mais comum de ser encontrado: polimorfismos bialélicos (Brookes, 1999). Esse tipo de marcador possui alta frequência nos organismos vegetais e animais, sendo relatada em genoma vegetal uma proporção de 1 marcador SNP para 100 a 300 pares de base (pb) e em humanos 1 snp a cada 1250 (pb) (Gupta et al., 2001). Sua principal vantagem é a identificação de um maior número de polimorfismos entre alelos de determinado gene. Como ponto negativo pode-se elencar a necessidade de um conhecimento inicial da sequência do gene de interesse e o custo ou infraestrutura despendido nas etapas do sequenciamento dos fragmentos de DNA (Faleiro, 2007).

Marcadores SNPs associados com microssatélites foram utilizados por Rabello (2017) para construção do primeiro mapa genético de *Panicum maximum*, o que pode contribuir para a rapidez e a assertividade dos programas de melhoramento para a espécie. Os marcadores SNPs possibilitam a construção de mapa molecular que faz uso de grande quantidade de marcadores em um pequeno espaço de tempo (Ramalho et al., 2021).

O sequenciamento de pequenos fragmentos (*short reads*) baseado em tecnologia Illumina permitiu o desenvolvimento de centenas de marcadores moleculares do tipo microssatélite para *U. ruziziensis* (Silva et al., 2013). Um conjunto de painéis multiplex contendo 15 marcadores foi utilizado para uma avaliação da diversidade e estrutura genética de acessos de *U. ruziziensis* coletados originalmente na África e no Brasil (Pessoa-Filho et al., 2015). Dados de sequenciamento de pequenos fragmentos também foram utilizados para sequenciar o genoma de cloroplasto das quatro principais gramíneas do gênero *Urochloa* (*U. brizantha*, *U. decumbens*, *U. humidicola* e *U. ruzizensis*), para uma análise filogenômica com base em montagens de genoma plastidial completas. Marcadores microssatélites, SNPs e InDels nos genomas plastidiais foram identificados e puderam demonstrar a relação filogenética e estimar o tempo de divergência entre essas quatro espécies (Pessoa-Filho et al., 2017).

Caracterização Morfológica e Agrônômica

A diversidade genética baseia-se na variação genética que pode existir entre espécies de um mesmo gênero, entre indivíduos ou cultivares de uma espécie, abrangendo os seus ancestrais não

domesticados (Guerra et al.,1998). A caracterização morfológica desempenha um papel crucial na conservação dos recursos genéticos, pois é a forma mais simples de elencar a diversidade genética presente nas bases de conservação de recursos genéticos. Através do conhecimento destes descritores é possível colaborar com programas de melhoramento de plantas e ainda complementar a caracterização agrônômica agregando informações a respeito da classificação e descrição do material preservado (Oliveira,2018).

A caracterização morfológica, de modo geral, deve ser realizada com base em descritores que não variam muito com as condições ambientais, ou seja, caracteres qualitativos (Oliveira,2018). Como exemplo na morfologia da planta, podem ser citados pilosidade, forma da folha, porte da planta, forma da raquis e posição de sementes na raquis. Em *U. ruziziensis* é comum observar colmos geniculados, decumbentes, radicantes nos nós inferiores, nós compridos, de cor escura e glabros, entrenós glabrosos ou pilosos que podem medir de 7 até 13 cm de comprimento, inflorescência com racemos bilaterais que podem ser de três até nove ramificações primárias, ascendentes, arqueadas, alternas distantes umas das outras, terminando com uma espiguetta rudimentar (Valle et al., 2022).

Descritores morfológicos com boa capacidade de discriminação também são essenciais no processo de registro de cultivares no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Uma análise da correlação entre características morfológicas e sua capacidade de diferenciação entre genótipos avançados do programa de melhoramento de *U. ruziziensis* da Embrapa indicou que altura de planta, comprimento da bainha, e número de racemos por inflorescência contribuíam pouco para a distinção entre genótipos (Rezende et al., 2016). Os fenótipos com maior contribuição relativa para diferenciação foram comprimento do eixo da inflorescência, comprimento do racemo basal, comprimento do eixo da inflorescência e comprimento de folha (Rezende et al., 2016).

Diferentes descritores podem ser considerados para realização de uma caracterização agrônômica, a partir da seleção daqueles que melhor representam a variabilidade na planta de interesse (Oliveira, 2018). A obtenção de materiais mais resistentes a pragas, doenças e com maior produção e teor nutricional depende da presença de variabilidade para essas características (Faleiro et al., 2011).

Pinto et al. (2021) estimaram, entre outras variáveis, a produção de matéria seca (PMS), qualidade de forragem e a altura de 10 clones melhorados de braquiária *ruziziensis*, onde a altura média de oito deles foi de 71,63 cm. Caracterização agrônômica também foi realizada em feijão caupi, onde utilizaram 12 variedades para avaliar altura de planta, peso e comprimento de vagens, peso de vagens, número de grãos por vagem, peso de 100 grãos e índice de grãos e produtividade (Gomes et al., 2020).

Qualidade bromatológica de *U. ruzizensis*

A qualidade bromatológica de um material refere-se aos teores nutricionais que ele possui. Dentro desses teores, é possível mensurar a energia que será absorvida pelo animal. O valor nutricional e a composição química variam consideravelmente entre diferentes forrageiras devido à diversidade genética, mesmo quando cultivadas no mesmo ambiente (Hoveland e Monson, 1980).

O consumo de forragem pelo animal está diretamente relacionado aos teores de fibras em detergente neutro (FDN), que representa a parte fibrosa da planta composta por celulose, hemicelulose e lignina. A palatabilidade, ou seja, o grau de aceitação do capim pelo animal, também influencia no consumo. Quanto mais palatável o capim, maior será o seu consumo. Os teores de proteína bruta (PB) e a digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS) estão associados à qualidade da forragem (Acioly e Perazzo, 2022).

Braquiária *ruzizensis* destaca-se por apresentar os mais elevados valores bromatológicos quando comparada a outras espécies do mesmo gênero. Essa forrageira exhibe alto teor de Proteína Bruta (PB), alta digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS) e baixo teor de fibras. A produção de matéria seca atinge cerca de 3,15 toneladas por hectare (Souza Sobrinho et al., 2011), um pouco abaixo das 4,41 toneladas por hectare para as cultivares *U. brizantha* Marandu e *U. decumbens* Basilisk.

Relatos sobre clones melhorados de *U. ruzizensis* indicam que a produtividade de Matéria Verde (MV) dessa espécie pode alcançar de 3,0 e 4,0 kg por planta. Esse desempenho, observado entre dezembro de 2020 a junho de 2021, foi superior aos observados pelas cultivares *U. decumbens* Basilisk e *U. brizantha* Marandu (Pinto et al., 2021).

Os valores percentuais médios para a planta inteira de *U. ruzizensis* podem atingir 6,6% para Proteína Bruta (PB), 76,5% para Fibras em Detergente Neutro (FDN), 39,9% para Fibras em Detergente Ácido (FDA), e 57,8% para Digestibilidade *in vitro* da Matéria Seca (DIVMS) (Souza Sobrinho et al., 2011).

Produtividade e qualidade de sementes

Além da importância dos aspectos morfoagronômicos e bromatológicos, é crucial compreender a produtividade e qualidade das sementes. Isso se torna indispensável para garantir não apenas a qualidade nutricional, mas também a capacidade da forrageira em ser uma boa produtora de sementes, evitando que uma baixa disponibilidade de material propagativo afete seu custo de obtenção no mercado.

O exame da qualidade das sementes engloba uma abordagem abrangente, avaliando diferentes aspectos relacionados às características genéticas, físicas, sanitárias e fisiológicas. No que diz respeito à qualidade genética, destaca-se a pureza varietal como foco, assegurando a ausência de mistura de variedades nos campos de produção de sementes para evitar possíveis interferências na produtividade e misturas varietais que podem comprometer a comercialização do lote de sementes.

Na esfera física, a análise concentra-se na proporção de material inerte e sementes contaminantes presentes em cada lote de sementes.

A qualidade sanitária refere-se à identificação de sementes infestadas ou contaminadas, que podem servir como veículos para a disseminação de pragas e doenças, conforme destacado por Borba et al. (1995).

A qualidade fisiológica das sementes é crucial, refletindo a capacidade dessas sementes em desempenhar funções vitais. Elementos como vida útil, germinação e vigor desempenham um papel crítico, exercendo influência direta na implantação e estabelecimento de novas áreas no campo a partir dos lotes de sementes comercializados (Schuch et al., 2009). Garantir a robustez dessas características é fundamental para o sucesso da semeadura e o desenvolvimento saudável das plantas ao longo do ciclo de cultivo. Assim, a avaliação abrangente desses diversos atributos contribui para a seleção e utilização de sementes de *Urochloa ruziziensis* de alta qualidade, otimizando os resultados na produção agrícola.

Nos últimos anos, a expansão da área destinada à produção de sementes de *U. ruziziensis* no Brasil, ultrapassando 30.000 hectares em 2016/2017, destaca a relevância da implantação de pastagens através de sementes (Landau et al., 2020). Dados do Sistema de Gestão de Fiscalização (SIGEF, 2024), para o controle da produção de sementes e mudas, indicam que entre os anos de 2022 e 2023 os campos de produção de sementes inscritos para *U. ruziziensis* somaram aproximadamente 67.000 hectares (SIGEF, 2023). A produção de sementes de gramíneas forrageiras enfrenta desafios como baixa produtividade, alto percentual de sementes vazias e dificuldades relacionadas à colheita, como dessincronização de florescimento, desuniformidade na maturação e degrana, especialmente em espécies do gênero *Urochloa* (Custódio et al., 2012; Martins e Silva, 2003). Além disso, mecanismos de dormência prejudicam a germinação e o vigor das sementes, exigindo um planejamento cuidadoso desde a semeadura até a colheita (Brandão et al., 2021).

Apesar do florescimento concentrado da *U. ruziziensis*, a produtividade de sementes viáveis poderia ser maior devido a presença de sementes vazias (sem cariopse) (Seiffert, 1980). A literatura revela poucos estudos sobre o índice de esterilidade de espiguetas em capim braquiária, embora

seja reconhecido que isso impacta a produção e a qualidade das sementes, variando de acordo com a espécie, genótipo e localidade do campo de produção de sementes (Carmona et al., 1999).

Diversos testes são empregados para estimar a qualidade fisiológica de sementes, incluindo testes de germinação, envelhecimento acelerado, vigor e teste de tetrazólio (Garcia e Coelho, 2021). Análises fisiológicas, como grau de umidade, classificação de cor do tegumento, massa de mil sementes, emergência de plântulas, primeira contagem de germinação e índice de velocidade de germinação, também são consideradas para avaliar essa qualidade (Dos Santos Ferreira et al., 2020).

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICAS

ACIOLY, TMS; PERAZZO AF. (2022). Influência de características agronômicas na ensilagem de gramíneas tropicais: revisão de literatura. **Revista Eletrônica Científica Ensino Interdisciplinar**, 8(26). Disponível em: <https://periodicos.apps.uern.br/index.php/RECEI/article/view/3928>

AHN, YK; MANIVANNAN, A.; KARNA, S; JUN TH; YANG EY; CHOI S; KIM JH; KIM DS; LEE ES. (2018). Whole Genome Resequencing of *Capsicum baccatum* and *Capsicum annuum* to Discover Single Nucleotide Polymorphism Related to Powdery Mildew Resistance. **Scientific reports** Rep 8, 5188 (2018). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-23279-5>

ARAUJO ACG, NÓBREGA JM, POZZOBON MT, CARNEIRO VTC (2005). Evidence of sexuality in induced tetraploids of *Brachiaria brizantha* (Poaceae). **Euphytica**, v. 144, n. 1, p. 39-50. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/177935/1/ID-26237-1.pdf>

BOLFE ÉL, VICTORIA DDC, SANO EE, BAYMA G, MASSRUHÁ SMFS, DE OLIVEIRA AF. (2024) Potential for Agricultural Expansion in Degraded Pasture Lands in Brazil Based on Geospatial Databases. **Land.**; 13(2):200. <https://doi.org/10.3390/land13020200>

BORBA C, ANDRADE RV, AZEVEDO JT, ANDREOLI, PURCINO AAC (1995). Germinação de sementes de diversos genótipos de milho tropical (*Zea mays* L.) em diferentes temperaturas. **Revista Brasileira de Sementes**. v. 17, n.º. 2, p.141-144. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/488505/1/Germinacaoesementes.pdf>

BORÉM A, MIRANDA GV.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas 8ª ed.** São Paulo Oficina de Textos, 2021. ISBN 978-65-86235-25-8

BROOKES, AJ. (1999) The essence of SNPs. **Gene**, v. 243, n. 2, p. 177-186, 1999. [https://doi.org/10.1016/s0378-1119\(99\)00219-x](https://doi.org/10.1016/s0378-1119(99)00219-x)

BUSO, G; REIS, A; AMARAL, Z; FERREIRA, M. (2016). Novel and highly informative *Capsicum* SSR markers and their cross-species transferability. **Genetics and Molecular Research** 15: 1-12. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038689>

CAETANO, AR. (2009). Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 64-71, 2009. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982009001300008>

CARMONA, R; MARTINS, C. R; FÁVERO, A. P; Características de sementes de gramíneas nativas do Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, p. 1066-1074, 1999. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X1999000600019>

CECCON, G. **Consórcio milho-braquiária**. Embrapa Agropecuária Oeste. Brasília, DF: Embrapa, 2013. 175p. Livro técnico (INFOTECA-E), 2013 Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/982597>

SILVA, H. S. D. (2019). **Características bromatológicas e morfológicas da *Urochloa decumbens* em sistemas silvipastoris no Recôncavo da Bahia**. Trabalho de conclusão de curso (Graduação). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Dados supragenéricos obtidos em **Missouri Botanical Garden/TROPICOS/Catalogue of New World Grasses/Nomenclatural database** <http://mobot.mobot.org/W3T/Search/classicvast.html> Acessado em 12 de novembro de 2022.

Embrapa - Brasil cria a sua primeira cultivar do capim *Brachiaria ruziziensis*. <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/68876481/brasil-cria-a-sua-primeira-cultivar-de-capim-brachiaria-ruziziensis#:~:text=Nova%20forrageira%20foi%20desenvolvida%20para,produ%C3%A7%C3%A3o%20de%20forragem%20na%20entressafra>. acessado em 10 de setembro de 2022.

FALEIRO FG, FARIAS NETO ALD, RIBEIRO JÚNIOR WQ. Pré-melhoramento do maracujá. **Pré-Melhoramento de Plantas. Estado da Arte e Experiências de Sucesso**, Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica p. 549-570, 2011

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 102p. ISBN:978-85-7075-035-8

FERREIRA RCU, MORAES ACL, CHIARI L, SIMEÃO RM, VIGNA BBZ, SOUZA AP. 2021; Overview of the Genetics and Genomics of the *Urochloa* Species Most Commonly Used in Pastures. **Frontiers Plant Science** 2021 Dec 13;12:770461. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.770461> . PMID: 34966402; PMCID: PMC8710810.

FERREIRA, M. E. & GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3^a ed. Brasília, EMBRAPA CENARGEN. 1996. 220p. <https://livimagens.sct.embrapa.br/amostras/00063810.pdf>

FRANÇA, L. V. de. **Fatores ambientais na produção de sementes de híbridos interespecíficos de *Brachiaria***. 2011. 129p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Pelotas https://guaiaca.ufpel.edu.br/bitstream/handle/123456789/1509/tese_leomara_vieira_franca.pdf;jsessionid=96FB63AD4F34BB20E8AB98248FD0B839?sequence=1

GOMES, SBS, FERREIRA, JB, MACEDO, PEF, NASCIMENTO, GO, PESSOA NETO E. (2020) Caracterização agrônômica de variedades crioulas de feijões caupi no Município de Senador Guimard, Acre, Brasil. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 8, p. e841986243-e841986243, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v9i8.6243>

GUPTA, PK.; ROY, JK.; PRASAD, M. (2001) Single nucleotide polymorphisms: A new paradigm for molecular marker technology and DNA polymorphism detection with emphasis on their use in plants. **Current Science**, v. 80, n. 4, p. 4524-535, 2001 <https://www.currentscience.ac.in/Volumes/80/04/0524.pdf>

HOVELAND, CS AND MONSON, WG (1980). **Genetic and Environmental Effects on Forage Quality**. Crop Quality, Storage, and Utilization, (Ed.). <https://doi.org/10.2135/1980.cropquality.c6>

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Estatísticas Agropecuárias. Rio de Janeiro: IBGE, 2024 <https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/agencia-noticias/2012-agencia-de-noticias/noticias/39170-abate-de-bovinos-e-suinos-cresce-no-4-trimestre-de-2023>

JUNGMANN, L. **Caracterização da diversidade genética molecular em germoplasma de *Brachiaria* spp.** 2009. 89 p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Campinas, São Paulo.
<http://repositorio.unicamp.br/jspui/handle/REPOSIP/316495>

LANZA, M. A.; GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I. Aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético. 2000. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 21, n. 204, p. 97-108, maio/jun. 2000. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/45526/1/Aplicacao-marcadores.pdf>

LEE, H.Y; RO, N.Y; JEONG, H.J; KWON J.K; JO J; HÁ Y; JUNG A; HAN J.W; VENKATESH J and KANG B.C. (2016). Genetic diversity and population structure analysis to construct a core collection from a large *Capsicum* germplasm. **BMC Genet** 17, 142.
<https://doi.org/10.1186/s12863-016-0452-8>

MACHADO, LAZ, CECATO U, JANK L, VERZIGNASSI JR, VALLE CB do. **Identificação e características de forrageiras perenes para consórcio com milho.** In: CECCON, G. (Ed.). Consórcio milho-braquiária. Brasília, DF: Embrapa, 2013.
<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/982629>

MARTIN, L. C. (2010). **Identificação de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) no gene colina monooxigenase relacionado ao metabolismo da glicina betaína em *Eucalyptus*.** Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”
<http://hdl.handle.net/11449/92452>

MARTINS, A. M. **Sequenciamento de DNA, montagem *de novo* do genoma e desenvolvimento de marcadores microssatélites, indels e SNPs para uso em análise genética de *Brachiaria ruziziensis*.** 2013. 190 p. Tese (Doutorado em Biologia Molecular) - Universidade de Brasília, Brasília, 2013.
http://icts.unb.br/jspui/bitstream/10482/15521/1/2013_AlexandreMagalhaesMartins.pdf

MILACH, S. C. K. **Principais tipos de marcadores moleculares e suas características.** In MILACH, S. C. K. Marcadores Moleculares em Plantas. Porto Alegre, UFRGS, 1998. p. 17-28. http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_do03.pdf

NEVES, CN, VILAR CC, USHIWATA SY, COSTA AC, HARTWIG CFV, CHAVES JS. PERSISTÊNCIA DE PALHADA DE *Urochloa ruziziensis* EM SISTEMA DE PLANTIO

DIRETO E CONVENCIONAL NO MUNICÍPIO DE NOVA XAVANTINA-MT. **GLOBAL SCIENCE AND TECHNOLOGY**, 2018, 11.3. https://www.researchgate.net/publication/330520296_PERSISTENCIA_DE_PALHADA_DE_Urochloa_ruzizensis_EM_SISTEMA_DE_PLANTIO_DIRETO_E_CONVENCIONAL_NO_MUNICIPIO_DE_NOVA_XAVANTINA-MT

OLIVEIRA, J S. **Recursos genéticos de *Passiflora* spp.: Diversidade genética, caracterização morfoagronômica, molecular, germinação e armazenamento de sementes**. 2018. TESE (Doutorado). Universidade de Brasília, http://icts.unb.br/jspui/bitstream/10482/32250/1/2018_JamiledaSilvaOliveira.pdf

ORITA M., IWAHANA H., KANAZAWA H., HAYASHI K., and SEKIYA T. 1989; Detection of polymorphisms of human DNA by gel electrophoresis as single-strand conformation polymorphisms. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA**, v.86, n.8, p.2766-70, 1989

PACIULLO, DSC, RODRIGUES PR, SOARES NA, GOMIDE CAM, SOUZA SOBRINHO F, MORENZ MJF. **Produção de forragem de *Brachiaria ruzizensis* cv. BRS Integra sob pastejo, ao longo do ano**. Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora. 2021. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/222936/1/BOP-43-Producao-de-Forragem.pdf>

EMPRESA BRASILEIRA DE ESQUISA AGROPECUÁRIA. PASTAGENS. Portal EMBRAPA, 2020. Disponível em: <https://www.embrapa.br/qualidade-da-carne/carne-bovina/producao-de-carne-bovina/pastagem> . Acesso em: 23 de fevereiro de 2023.

PEREIRA, J. M. M. M. **Características estruturais de cultivares de *Urochloa brizantha* durante o período de diferimento**. 2019. 31 p. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Zootecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2019.

PESSOA-FILHO, M., MARTINS, A.M., FERREIRA, M.E. Molecular dating of phylogenetic divergence between *Urochloa* species based on complete chloroplast genomes. **BMC Genomics** 18 , 516 (2017). <https://doi.org/10.1186/s12864-017-39042>

PINTO RF, BENITES FRG, AUAD AM, SOUZA SOBRINHO F. **Produtividade de forragem verde de clones melhorados de *Brachiaria ruzizensis***. In: Embrapa Gado de Leite-Artigo em

anais de congresso (ALICE). In: PASSOS, LP (ed.). Coletânea de Iniciação Científica da Embrapa Gado de Leite-PIBIC CNPq 2020-2021. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2021., 2021. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1134664>

RABELLO, F. C. **Caracterização genético molecular em *Panicum maximum*: identificação de marcadores moleculares SNP se mapeamento genético**. 2017. Dissertação (mestrado). Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia. campinas, SP. <https://doi.org/10.47749/T/UNICAMP.2017.995336>

RAMALHO MAP; SANTOS JB DOS; PINTO CABP; SOUZA EA DE, GONÇALVES FMA; SOUZA JC DE. **Genética na Agropecuária**. 6^a ed. ver. Lavras: UFLA, 2021

REIS, R.V., ROCHA, R.A., SANTOS, D.A., BÚFALO, V.C. (2021) Desempenho agronômico de forrageiras tropicais. **Research, Society and Development**, 2021, 10.14: e37101421735-e37101421735. <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i14.21735>

REZENDE, BA, RIBEIRO, CB, TEIXEIRA, DHL, GONÇALVES, FMA, and SOUZA SOBRINHO, F (2016) Phenotypic characteristics for discrimination between advanced genotypes of *Brachiaria ruziziensis*. **Genetics and Molecular Research** 15 (1): gmr15017774

SALES, M. F. L.; ASSIS, G. M. L. de; ANDRADE, C. M. S. de; SA, C. P. de; MESQUITA, A. Q. de, VALENTIM, J. F. **Recria de bovinos de corte em pastos de capim-humidícola consorciados com amendoim forrageiro no Estado do Acre**. Embrapa Acre-Circular Técnica (INFOTECA-E), 2020. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/218373/1/27073.pdf>

SANTOS, GF. **Capacidade combinatória para características de produção de sementes em genitores de *Urochloa* spp**. 2022. Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual Paulista (Unesp) <http://hdl.handle.net/11449/218006>

SCHUCH LOB, KOLCHINSKI EM, FINATTO JA. Qualidade fisiológica da semente e desempenho de plantas isoladas em soja. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 31, p. 144-149, 2009 <https://doi.org/10.1590/S0101-31222009000100016>

SEIFFERT, NF. **Gramíneas forrageiras do gênero *Brachiaria***. 1980. Campo Grande, MS, EMBRAPA/Centro. Nacional de Pesquisa de Gado de. 33p <https://old.cnpqg.embrapa.br/publicacoes/ct/ct01/index.html>

SENDULSKY, T. Chave para identificação de *Brachiaria*. **J. Agroceres**, v. 5, n. 56, p. 4-5, 1977

SIGEF, (2024) **Controle de produção de sementes e mudas**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. <https://dados.agricultura.gov.br/dataset/dados-referentes-ao-controle-da-producao-de-sementes-sigef> (Acessado em fevereiro de 2024)

SIMEÃO R. M, RESENDE, MDV, ALVES RS, PESSOA-FILHO M, AZEVEDO ALS, JONES CS, PEREIRA JF, MACHADO JC. Genomic Selection in Tropical Forage Grasses: Current Status and Future Applications. **Frontier Plant Science**. 2021 Apr 30;12:665195. doi: 10.3389/fpls.2021.665195. PMID: 33995461; PMCID: PMC8120112. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.665195>

SOUSA, M; MOREIRA, A and CIAPPINA, A L. AVALIAÇÃO DE DEGRADAÇÃO DE PASTAGENS COM O USO DE SENSORIAMENTO REMOTO E ÍNDICES DE VEGETAÇÃO. **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, v. 19, n. 39, 2022. <https://conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/5426>

SOUZA SOBRINHO, F. de; AUAD, A. M.; BRIGHENTI, A. M.; GOMIDE, C. A. de M.; MARTINS, C. E.; CASTRO, C. R. T. de; PACIULLO, D. S. C.; BENITES, F. R. G.; ROCHA, W. S. D. da. **BRS Integra: nova cultivar de Urochloa ruziziensis para a ILPF**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2022. 11p. Available at: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/232870/1/COT-93-BRS-Integra-nova-cultivar-de-Urochloa-ruziziensis-para-a-ILPF.pdf> . Accessed on: feb. 23. 2023.

SOUZA SOBRINHO F, CARNEIRO H, LÉDO FJS, SOUZA FF. Production and forage quality of *Brachiaria* in Norte Fluminense Region. **Applied Research & Agrotechnology**, [S.l.], v. 2, n. 3, p. 7-20, dec. 2011. ISSN 1984-7548. Available at: <https://revistas.unicentro.br/index.php/repaa/article/view/1502> . Date accessed: 30 nov. 2022. doi: <https://doi.org/10.5777/paet.v2i3.1502>.

SUDRÉ CP, GONÇALVES LSA, RODRIGUES R, AMARAL JÚNIOR AT, RIVA-SOUZA EM, BENTO C dos S 2010. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp. as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research** 9: 283-294 <https://doi.org/10.4238/vol9-1gmr698>

Universidade Federal de Goiás (UFG); Laboratório de Processamento de Imagens e Geoprocessamento (LAPIG). **Atlas das Pastagens**, 2022. <https://atlasdaspastagens.ufg.br/map>.

VALLE, C.B. do; EUCLIDES, V.P.B.; PEREIRA, J.M.; VALÉRIO, J.R.; PAGLIARINI, M.S.; MACEDO, M.C.M.; LEITE, G.G.; LOURENÇO, A.J.; FERNANDES, C.D.; DIAS FILHO, M.B.; LEMPP, B.; POTT, A. and SOUZA, M.A. **O capim-xaraés (*Brachiaria brizantha* cv. Xaraés) na diversificação de pastagens de braquiária**. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2004., 2004. 36p. (Embrapa Gado de Corte. Documentos, 149).

VALLE, CB. **Colecao de germoplasma de especies de *Brachiaria* no CIAT: estudos basicos visando ao melhoramento genetico**. Embrapa Gado de Corte Documentos (INFOTECA-E), 1990 <https://core.ac.uk/download/pdf/33884017.pdf>

VALLE, CB; JANK, L; RESENDE, RMS. O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Revista Ceres**, 2009, 56.4: 460-472. <https://ojs.ceres.ufv.br/index.php/ceres/article/view/3454>

VALLE, C. B.; EUCLIDES, V. P. B.; SIMEÃO R. M.; BARRIOS, S. C. L., JANK, L. Gênero *Brachiaria*. In: FONSECA, Dilermando Miranda da; MARTUSCELLO, Janaina Azevedo; (Ed.). **Plantas Forrageiras –2º ed.. rev. e ampl.**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2022. p. 23-76.

WILLIAMS JG, KUBELIK AR, LIVAK KJ, RAFALSKI JA, TINGEY SV. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers *Nucleic Acids Research*, **Oxford**, v. 18, p. 6531-6535, 1990. <https://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531>

**CAPÍTULO 1. DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE ACESSOS DE
UROCHLOA RUZIZIENSIS GENOTIPADOS COM MARCADORES SNPS**

Diversidade e estrutura genética de acessos de *Urochloa ruziziensis* genotipados com marcadores SNPs

Érika Moreira dos Santos¹; Orzenil Bonfim da Silva Júnior²; Márcio Elias Ferreira²; Dario Grattapaglia²; Marco Pessoa-Filho³

¹Universidade de Brasília; ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ³Embrapa Cerrados

Resumo: O gênero *Urochloa* ocupa a maior área cultivada destinadas à pastagem no Brasil. *Urochloa ruziziensis* é uma espécie diplóide e alógama, com ampla utilização em sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta. A Embrapa conduz um programa de melhoramento de braquiária *ruziziensis*, com foco no desenvolvimento de cultivares adaptadas aos sistemas de produção do país. Este trabalho tem por objetivo analisar a diversidade e estrutura genética de acessos do banco de germoplasma de *U. ruziziensis*, utilizando marcadores SNP incluídos em um arranjo Illumina Infinium. Aproximadamente 1.200 marcadores SNPs distribuídos nos 9 cromossomos de *U. ruziziensis* foram utilizados para genotipar 96 indivíduos de 11 acessos do banco de germoplasma da Embrapa e da cultivar Kennedy. A extração de DNA foi realizada a partir de tecido foliar jovem, seguindo protocolo CTAB com lavagem com sorbitol. Análises de diversidade nucleotídica, similaridade genética, extensão do desequilíbrio de ligação e agrupamento foram realizadas com os programas TASSEL 5, PLINK 1.9 e com os pacotes R ade4 e adegenet. Três marcadores não apresentaram nenhum resultado, o que representa um call rate de 99,7% para o total de 1.252 marcadores selecionados no arranjo. Após filtragem para um call rate de 95% (máximo de 5% de dados faltantes), 1.081 SNPs foram mantidos. O coeficiente de diversidade nucleotídica (π) apresentou um valor de 0,40. A estimativa de diversidade genética de Watterson (θ_w) apresentou um valor de 0,20. O teste D de Tajima apresentou um valor de 3,69. A análise discriminante de componentes principais (DAPC) indicou uma estruturação dos acessos em 3 grupos. A estimativa média de desequilíbrio de ligação r^2 foi de 0,02, com declínio para valores menores que 0,2 em cerca de 35 kpb. Este é o primeiro relato de estimativas de diversidade genética em escala genômica e extensão do desequilíbrio de ligação com bases em variantes simples em *U. ruziziensis*. As informações podem embasar a tomada de decisão na conservação de recursos genéticos, necessidade de novas coletas ou intercâmbio de acessos entre coleções, além da definição do número de locos necessários para calibração de modelos de seleção genômica ou estudos de associação.

Termos para Indexação: banco de germoplasma, braquiária, genotipagem, melhoramento.

Abstract: The genus *Urochloa* (brachiaria grasses) occupies the highest percentage of cultivated areas destined for pasture in Brazil. *Urochloa ruziziensis* is a diploid and allogamous species,

widely used in integrated crop-livestock-forestry systems. Embrapa conducts a *Brachiaria ruziziensis* breeding program, focusing on the development of cultivars adapted to the country's production systems. This work aims to analyze the diversity and genetic structure of accessions from the germplasm bank of *U. ruziziensis*, using SNP markers included in an Illumina Infinium array. Approximately 1,200 SNPs markers distributed on the 9 chromosomes of *U. ruziziensis* were used to genotype 96 individuals from 11 accessions from the Embrapa germplasm bank and the Kennedy cultivar. DNA extraction was performed from young leaf tissue, following the CTAB protocol with sorbitol washing. Analyses of nucleotide diversity, genetic similarity, extent of linkage disequilibrium and clustering were performed using TASSEL 5, PLINK 1.9 and R ade4 and adegenet packages. Three markers did not show any results, which represents a call rate of 99.7% for the total of 1,252 markers selected in the arrangement. After filtering to a call rate of 95% (maximum 5% missing data), 1081 SNPs were retained. The nucleotide diversity coefficient π presented a value of 0.40. Watterson's estimate of genetic diversity (θ_w) presented a value of 0.20. Tajima's D test showed a value of 3.69. The discriminant analysis of principal components (DAPC) indicated a structuring of the accessions in 3 groups. The mean estimate of linkage disequilibrium r^2 was 0.02, with declines to less than 0.2 at about 35 kbp. This is the first report of genomic-scale estimates of genetic diversity and extent of linkage disequilibrium with baes in single variants in *U. ruziziensis*. The information can support decision-making in the conservation of genetic resources, the need for new collections or exchange of accessions between collections, as well as the determination of the number of loci required for calibrating genomic selection models or association studies.

Keywords: germplasm bank, brachiaria, genotyping, breeding.

INTRODUÇÃO

Os capins do gênero braquiária ocupam a maior área cultivada destinadas a pastagens no Brasil. Existem cerca de 165 milhões de hectares de pastos no país e 85% delas estão plantadas com gramíneas do gênero *Urochloa*. Oriundo do continente Africano, este gênero abrange cerca de 110 espécies, sendo que as espécies mais cultivadas no Brasil são *Urochloa brizantha*, *Urochloa decumbens*, *Urochloa ruziziensis* e *Urochloa humidicola*, respectivamente (Valle et al., 2022).

U. ruziziensis é uma espécie diplóide e tem modo de reprodução sexual, adequado valor nutricional (cerca de 14% de proteína bruta - PB, 70% de digestibilidade *in vitro* da matéria seca - DIVMS e 60% de fibras em detergente neutro - FDN), produção de sementes uniforme (Souza Sobrinho et al., 2022) e se desenvolve bem em ambientes com fertilidade variável entre média e alta. Apresenta boa capacidade de rebrota logo no início do período chuvoso, baixa tolerância a umidade e aceitável tolerância ao frio (Martins, 2013). O capim *ruziziensis* apresenta densa cobertura de solo, o que confere ampla utilização em sistemas de integração lavoura e pecuária, principalmente pela boa produção de palhada e fácil dessecação (Souza Sobrinho et al., 2022).

Os programas de melhoramento de braquiária *ruziziensis* na Embrapa têm foco no desenvolvimento de cultivares adaptadas aos sistemas de produção do país buscando indivíduos com maior produtividade e qualidade de forragem. O desenvolvimento de recursos genômicos para apoio ao programa de melhoramento de *U. ruziziensis*, como, por exemplo, o primeiro genoma em escala cromossômica para a espécie (Pessoa-Filho, 2021) tem sido utilizado como base para a descoberta de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*), variações simples de um único nucleotídeo, que possam ser incluídos em painéis ou arranjos de genotipagem customizados.

Marcadores moleculares são de grande importância em pesquisas que dão suporte a programas de melhoramento (Lee et al., 2016). Esses marcadores fornecem acesso direto à informação genética e são úteis para estimar a diversidade genética, triagem suplementar, mapeamento genético e identificação dos parentais (Ahn et al., 2018).

Adicionalmente, esses marcadores podem ser utilizados para caracterização molecular dos acessos que constituem bancos de germoplasma, tal como a determinação da diversidade genética e/ou das distâncias entre eles, são atividades fundamentais no manejo dessas coleções, cuja finalidade é a identificação e seleção de indivíduos com características interessantes, pois essa caracterização consiste em avaliar dados para apresentar, detectar e distinguir acessos dentro de espécies, classes ou categorias (Sudré et al., 2010).

Este trabalho tem por objetivo analisar a diversidade e estrutura genética de acessos do banco de germoplasma de *U. ruziziensis*, utilizando marcadores SNPs.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Cerrados, onde as plantas foram cultivadas em casa de vegetação e com aproximadamente 30 dias após emergência foi coletado tecido foliar jovem. As folhas foram coletadas com tesoura e em seguida enroladas em papel alumínio, colocadas dentro de um envelope de papel e depositadas em um isopor com gelo, para transporte ao laboratório.

Extração de DNA

Inicialmente foi preparado todo o material que seria utilizado para realizar a atividade, como identificação de microtubos, envelope e preparo das soluções: EDTA 0,5 M pH 8,0 (ácido etilenodiaminotetracético), NaCl 3 M (cloreto de sódio), Tris-HCL 1M pH 8,0, Acetato de Sódio entre outros.

Foi utilizado o Protocolo de Extração de DNA de plantas, com lavagem com Tampão de Sorbitol e extração com 3X CTAB de Inglis et al. 2018, com modificações descritas a seguir.

O tecido foliar foi cortado e colocado em criotubo com peso entre 100 e 120 mg e acrescentou-se esferas metálicas a fim de facilitar a maceração. Em seguida foi adicionado 1 mL de Tampão de Sorbitol 0,35 M e levado para macerar no equipamento BioSpec por 3 ciclos de 20

segundos. Depois de trituração a amostra foi levada para centrifugação a 12.000 rpm por 5 minutos e após isso, com o auxílio da pipeta descartou-se o sobrenadante.

Foram adicionados 700 microlitros (μL) de Tampão de extração CTAB com concentração de 3% (p/v), seguido de nova maceração no agitador BioSpec, por 3 ciclos de 20 segundos com a finalidade de misturar o tecido ao tampão. Logo em seguida, os microtubos foram incubados em banho-maria, a 65°C por 40 minutos e durante esse período foram agitados a cada 10 minutos.

Após esfriamento à temperatura ambiente por 10 minutos, acrescentou-se 500 μL de clorofórmio; álcool isoamílico (24:1) aos tubos, e agitou-se manualmente por 2 minutos. As amostras foram centrifugadas a 13.000 rpm por 10 minutos.

Em um novo tubo foram transferidos 300 μL do sobrenadante sem perturbar a interface. Foram adicionados 30 μL de acetato de sódio e 200 μL de isopropanol gelado. As amostras foram armazenadas a -20°C *overnight*. No dia seguinte, o material passou por centrifugação a 13.000 rpm por 10 minutos. Descartou-se o sobrenadante e o corpo de fundo (*pellet*) foi lavado com 1 mL de etanol 70% e centrifugado novamente por um minuto.

O etanol foi descartado e adicionou-se etanol 95% com a finalidade de retirar toda impureza do DNA, como parede celular e outras estruturas. As amostras foram incubadas por 10 minutos e depois levadas à centrífuga por 1 minuto. Em seguida foi retirado o etanol e deixou-se o pellet secar em máquina secadora a vácuo por 15 minutos. Foram acrescentados 50 μL de tampão TE contendo RNase A a 0,1mg/ml para manter apenas o DNA, em seguida, as amostras foram incubadas por 30 minutos.

Encerrado o processo de extração de DNA, foi feita a verificação da sua qualidade, com a quantificação das amostras por espectrofotometria em Nanodrop (Nanodrop 2000, ThermoFisher), que faz a quantificação de ácidos nucleicos e contaminantes, e por fluorimetria com a leitura no Qubit (Qubit 4, ThermoFisher), que lê apenas DNA dupla fita.

As amostras passaram por eletroforese em gel de agarose a 1%, com aplicação de 2 μL de DNA e 8 μL de tampão de amostra, totalizando 10 μL por poço, seguida de corrida por 80 V por

aproximadamente 20 minutos. Certificado que houve a corrida no gel, ele foi levado para visualização na luz UV para verificação da integridade das bandas do DNA.

Genotipagem e preparação de dados

As amostras foram enviadas para provedor de serviço especializado (Neogene) e aproximadamente 1.200 marcadores SNPs distribuídos nos 9 cromossomos de *U. ruzizensis* foram utilizados para genotipar os 96 indivíduos de 11 acessos do banco de germoplasma da Embrapa e da cultivar Kennedy.

Análise de dados

As análises de diversidade nucleotídica e similaridade genética foram realizadas no programa TASSEL 5 (Bradbury et al., 2007). A estimativa do desequilíbrio de ligação foi realizada com o programa PLINK 1.9 (Chang et al., 2015). O agrupamento das amostras foi realizado através dos pacotes R ade4 (Thioulouse et al., 2018) e adegenet (Jombart & Ahmed, 2011).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os *call rates*, assim como o coeficiente de diversidade nucleotídica (Vieira, 2018), estimativa de diversidade genética de Watterson e o teste D de Tajima são considerados como controle de qualidade para a taxa de genotipagem (Bresolin, 2015). Neste trabalho, três marcadores moleculares não apresentaram nenhum resultado, o que representa um *call rate* de SNPs, ou seja, uma taxa de genotipagem de 99,7% para o total de 1.252 marcadores selecionados no arranjo. Após filtragem para um *call rate* para amostras de 95% (máximo de 5% de dados faltantes), 1.081 SNPs foram mantidos.

O coeficiente de diversidade nucleotídica (π) apresentou um valor de 0,40, que indica que 40% dos sites nucleotídicos são esperados de diferirem entre dois alelos. A estimativa de diversidade genética de Watterson (θ_w), medida da taxa de mutação em uma população de interesse, apresentou um valor de 0,20. O teste D de Tajima apresentou um valor de 3,69, o que indica uma ausência de alelos raros.

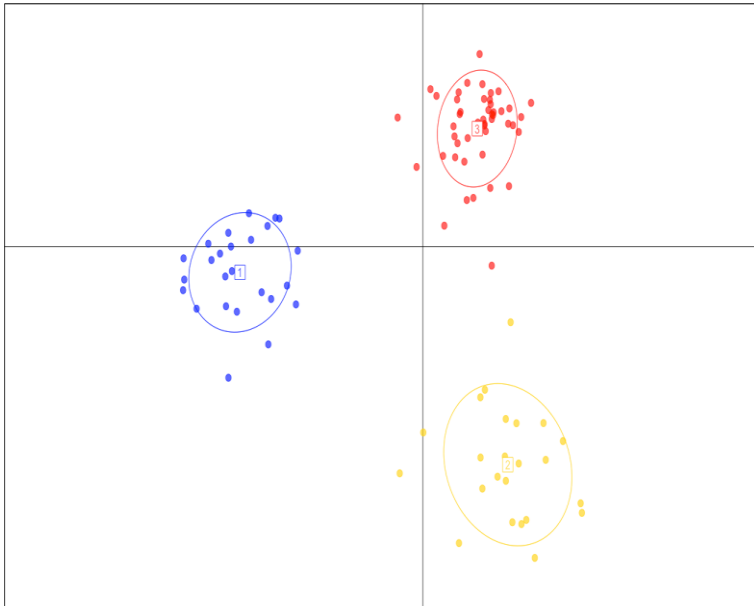


Figura 1.2: Análise Discriminante de Componentes Principais (DAPC) de 11 acessos e 1 cultivar de *U. ruzizensis* com base em marcadores SNPs.

Na figura 1.3 é possível observar o gráfico de queda do desequilíbrio de ligação (r^2) que teve uma estimativa média de 0,02, com declínio para valores menores que 0,2 em cerca de 35 Kpb em comparações par a par de marcadores com distâncias de até 1 Mpb. A linha em regressão em preto mostra os valores abaixo de 0,2 a partir de 35 Kpb.

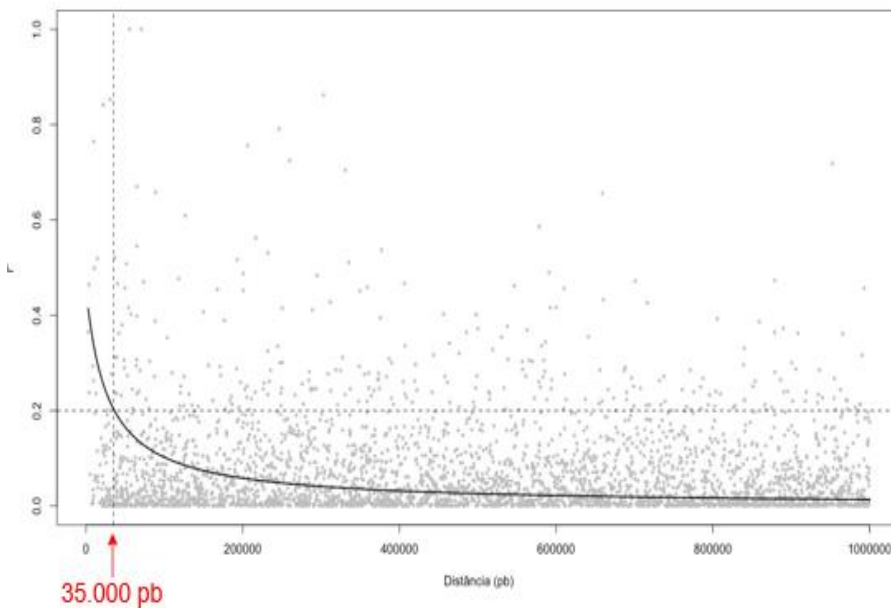


Figura 1.3: Gráfico de queda do desequilíbrio de ligação (r^2) em comparação com par de marcadores com distâncias de até 1 Mpb.

Este é o primeiro relato de estimativas de diversidade genética em escala genômica e extensão do desequilíbrio de ligação com base em variantes simples em *U. ruziziensis*. Considerando o tamanho do genoma de aproximadamente 600 Mpb para a espécie, os 1.200 SNPs utilizados representam uma distribuição média de 1 marcador para cada 500.000 pb. Os critérios de seleção dos marcadores incluíram somente variantes fora de regiões repetitivas (que representam metade do genoma de capim ruziziensis).

Um estudo realizado em uma coleção diversa de 632 linhagens puras de milho genotipadas com 1536 SNPs apresentou valores médios de extensão de desequilíbrio de ligação entre 5 e 10 kbp. Esse estudo também demonstrou que os valores de extensão de desequilíbrio de ligação são afetados pelo tamanho amostral, apresentando valores maiores para tamanhos amostrais menores (Yan et al., 2009).

CONCLUSÃO

A genotipagem de acessos de *U. ruziziensis* com marcadores SNP permitiu uma análise de diversidade e estrutura genética em escala genômica, com SNPs distribuídos nos 9 cromossomos da espécie. A diversidade nucleotídica entre os grupos de amostras (acessos e material comercial) deverá ser estimada para fins comparativos, visando avaliar se a diversidade genética de *ruziziensis* comum é menor quando comparada aos acessos de banco de germoplasma. Essa informação será importante como apoio ao gerenciamento de bancos de gemoplasma da espécie, orientando ações futuras de novas coletas ou intercâmbio de acessos entre coleções. A análise de estrutura genética dividiu os indivíduos em três grandes grupos, o que pode direcionar ações de cruzamentos direcionados dentro ou entre grupos. Análises de variância molecular (AMOVA) serão necessárias para avaliar se as diferenças nas variâncias genéticas entre grupos são significativas, também embasando possíveis ações de coleta de germoplasma para uso no programa de melhoramento. O conhecimento sobre a extensão do desequilíbrio de ligação em escala genômica é importante na definição do número mínimo de marcadores SNPs necessários

para estudos de associação genótipo-fenótipo e na calibração de modelos de seleção genômica. O conjunto de dados também permite uma análise comparativa, verificando, por exemplo, diferenças nos padrões de diversidade e desequilíbrio de ligação entre cromossomos, ou regiões genômicas dentro de cada cromossomo.

Referências bibliográficas

AHN, YK; MANIVANNAN, A.; KARNA, S; JUN TH; YANG EY; CHOI S; KIM JH; KIM DS and LEE ES. (2018). Whole Genome Resequencing of *Capsicum baccatum* and *Capsicum annuum* to Discover Single Nucleotide Polymorphism Related to Powdery Mildew Resistance. **Scientific reports** Rep 8, 5188 (2018). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-23279-5>

BRADBURY PJ, ZHANG Z, KROON DE, CASSTEVENS TM, RAMDOSS Y, BUCKLER ES. (2007). TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. **Bioinformatics**. 2007 Oct 1;23(19):2633-5. doi: 10.1093/bioinformatics/btm308. Epub 2007 Jun 22. PMID: 17586829. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm308>

BRESOLIN, T. (2015) **Efeito da utilização de diferentes critérios de controle de qualidade dos genótipos em estudos de associação e seleção genômica ampla**. Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual Paulista (UNESP). 46p.

BUSO GS, REIS AM, AMARAL ZP, FERREIRA ME. Novel and highly informative *Capsicum* SSR markers and their cross-species transferability. **Genet Mol Res**. 2016 Sep 23;15(3). doi: 10.4238/gmr.15038689. PMID: 27706777. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038689>

CHANG CC, CHOW CC, TELLIER LC, VATTIKUTI S, PURCELL SM, LEE JJ. (2015). Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. **Gigascience**. 2015 Feb 25;4:7. doi: 10.1186/s13742-015-0047-8. PMID: 25722852; PMCID: PMC4342193. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>

INGLIS PW, PAPPAS MCR, RESENDE LV, GRATTAPAGLIA D. (2018). Fast and inexpensive protocols for consistent extraction of high quality DNA and RNA from challenging plant and fungal samples for high-throughput SNP genotyping and sequencing applications. **PLoS One**. 2018 Oct 18;13(10):e0206085. doi: 10.1371/journal.pone.0206085. PMID: 30335843; PMCID: PMC6193717. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206085>

JOMBART T, AHMED I. (2011). Adegnet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. **Bioinformatics**. Nov 1;27(21):3070-1. doi: 10.1093/bioinformatics/btr521. Epub 2011 Sep 16. PMID: 21926124; PMCID: PMC3198581. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr521>

LARA LAC, SANTOS MF, JANK L, CHIARI L, VILELA MDM, AMADEU RR, DOS SANTOS JPR, PEREIRA GS, ZENG ZB AND GARCIA AAF (2019). Genomic selection with allele dosage in *Panicum maximum* Jacq. **G3**, 9(8), 2463-2475 : <https://doi.org/10.1534/g3.118.200986>

LEE, H.Y; RO, N.Y; JEONG, H.J; KWON J.K; JO J; HÁ Y; JUNG A; HAN J.W; VENKATESH J and KANG B.C. (2016). Genetic diversity and population structure analysis to construct a core collection from a large *Capsicum* germplasm. **BMC Genet** 17, 142. <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0452-8>

SOUZA SOBRINHO, F. de; AUAD, A. M.; BRIGHENTI, A. M.; GOMIDE, C. A. de M.; MARTINS, C. E.; CASTRO, C. R. T. de; PACIULLO, D. S. C.; BENITES, F. R. G.; ROCHA, W. S. D. da. **BRS Integra: nova cultivar de *Urochloa ruziziensis* para a ILPF**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2022. 11p. Available at: < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/232870/1/COT-93-BRS-Integra-nova-cultivar-de-Urochloa-ruziziensis-para-a-ILPF.pdf> >. Accessed on: feb. 23. 2023.

SUDRÉ, C. P; RODRIGUES R; AMARAL JÚNIOR A.T. do; RIVA-SOUZA E.M; BENTO Cdos S. (2010). Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp. as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**. 9(1):283-94. doi: 10.4238/vol9-1gmr698. PMID: 20198584. <https://doi.org/10.4238/vol9-1gmr698>

Thioulouse J; Dray S; Dufour; A.B; Siberchicot A; Jombart T; Pavoine S. (2018). Multivariate Analysis of Ecological Data with ade4. **Springer**. doi: 10.1007/978-1-4939-8850-1. <https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4939-8850-1>

VALLE, C. B.; EUCLIDES, V. P. B.; SIMEÃO R. M.; BARRIOS, S. C.; L. and JANK, L. (2022) Gênero *Brachiaria*. *In*: FONSECA, DM; MARTUSCELLO, JÁ (Ed.). **Plantas Forrageiras –2º ed.. rev. e ampl.**. Viçosa, MG: Ed. UFV, p. 23-76.

VIEIRA, L. D. (2018). **Genômica populacional de *Handroanthus serratifolius* e *Tabebuia aurea***. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Goiás (UFG). Goiânia. 46 p.

YAN J, SHAH T, WARBURTON ML, BUCKLER ES, MCMULLEN MD, CROUCH J. (2009) Genetic Characterization and Linkage Disequilibrium Estimation of a Global Maize Collection Using SNP Markers. **PLOS ONE** 4(12): e8451. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008451>

**CAPÍTULO 2. PRODUTIVIDADE DE FORRAGEM E VALOR NUTRITIVO DE
FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE *UROCHLOA RUZIZIENSIS*¹**

¹ Trabalho submetido ao comitê da revista Crop Breeding and Applied Biotechnology CBAB

PRODUTIVIDADE DE FORRAGEM E VALOR NUTRITIVO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE *UROCHLOA RUZIZIENSIS*

Érika Moreira dos Santos¹, Carlos Eduardo Lazarini da Fonseca², Cláudio Takao Karia², Allan Kardec Braga Ramos², Ricardo Carmona¹; Marco Pessoa-Filho²

¹ Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Campus Darcy Ribeiro, CEP 70910-900, Brasília, DF, Brazil. E-mail:erikamoreirasantos15@gmail.com, rcarmona@unb.br

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Cerrados, CEP: 73310-970, Brasília, DF, Brazil.
E-mail: carlos.lazarini@embrapa.br; claudio.karia@embrapa.br; allan.amos@embrapa.br; marco.pessoa@embrapa.br

RESUMO: O melhoramento de braquiária ruzizensis (*Urochloa ruzizensis*) tem avançado por meio da seleção de famílias ou indivíduos superiores, principalmente para produtividade de matéria seca (PMS) e qualidade bromatológica. Conhecer a correlação genética entre esses parâmetros pode direcionar estratégias que alcancem rendimentos mais expressivos nos programas de melhoramento. Desta forma, o objetivo do trabalho foi avaliar a produtividade de forragem, o valor nutritivo e estimar a correlação genética existente entre essas características de duzentas famílias de meios-irmãos de *U. ruzizensis*. As famílias foram plantadas em delineamento de blocos casualizados com três repetições e foram feitos dois cortes da parte aérea das plantas, em um intervalo de dois meses. O peso da matéria verde de cada parcela foi registrado ainda em campo, em seguida amostras de 400 gramas foram secas em estufa a 65°C por 72 horas para estimar a PMS. Essas amostras foram moídas em moinho com peneira com malha de 1mm e suas refletâncias lidas via espectroscopia do infravermelho próximo (NIRS) para subsequente predição via modelos calibrados. No total, 187 famílias foram utilizadas nas análises subsequentes. ANOVA foi utilizada para estimativas dos componentes genéticos de variância e a herdabilidade em sentido restrito (h^2). As famílias foram também agrupadas por meio da análise dos componentes principais (PCA) e as correlações simples e genéticas entre as características foram estudadas, considerando a média dos 2 cortes. As análises estatísticas foram realizadas em R v. 4.3.1, com os pacotes agricolae, lme4, car e HorRM. Houve diferença significativa para PMS, proteína bruta (PB), digestibilidade in vitro da matéria seca (DIVMS), fibra detergente ácido (FDA), celulose (CEL) e hemicelulose (HEMICEL) ($p < 0,001$) e fibra detergente neutro (FDN) ($p < 0,01$), no entanto, não houve diferença significativa para lignina (LIG). A média geral de PMS foi de 0,515 e de 0,770 kg/parcela para as nove famílias mais produtivas. A média geral de PB foi de 7,38%, e 8,52% para as melhores famílias. Para a DIVMS, a média geral foi de 63,20%, e 65,96% para as nove melhores famílias. A média geral de FDN foi de 62,81% e para as nove melhores foi de 61,3%. A média geral de FDA foi de 33,84% e para as nove melhores foi de 32,4%. A média geral de LIG foi de 2,6% e para as nove melhores foi de 2,35%. Para CEL, a média geral ficou em torno de 31,2% e para as melhores famílias 29,8%. Para HEMICEL a média geral ficou em torno de 28,9% e as

melhores famílias ficaram com média de 28,2%. Os valores de herdabilidade em sentido restrito de PMS, PB, DIVMS, FDN e FDA foram 0,26, 0,28, 0,37, 0,28 e 0,31 respectivamente. A PCA indicou, através das correlações simples, que os componentes de produtividade não estão correlacionados com os componentes de qualidade. Porém, a PMS teve correlação genética positiva forte com FDN (0,74), moderada para FDA (0,67) e CEL (0,66), fraca para LIG (0,26) e HEMICEL (0,23) mostrando que os componentes fibrosos tendem a aumentar em uma seleção visando aumento de produtividade nesta população e uma correlação genética negativa e forte com PB (-0,90), e correlação positiva e fraca com DIVMS (0,15) demonstrando que ao selecionar indivíduos para qualidade, conseqüentemente os teores de componentes fibrosos e a PMS diminuem. PB apresentou correlação genética positiva forte com DIVMS (0,73), e negativa para todos componentes fibrosos, (FDN -0,86, FDA -0,76, CEL -0,75, LIG -0,36 e HEMICEL -0,29). DIVMS apresentou correlação genética negativa com LIG (-0,90), HEMICEL (-0,80), FDN (-0,52), FDA (-0,11), mas não com CEL (0,00). A seleção nessa população para PMS pode ter um impacto negativo nas características de qualidade como PB e DIVMS. Por outro lado, a seleção para teores baixos de fibra e/ou altos de PB pode aumentar a DIVMS, aumentando a qualidade forrageira.

Palavras chaves: forrageira, associação genética, espectroscopia, melhoramento genético.

ABSTRACT: The improvement of *Brachiaria ruziziensis* (*Urochloa ruziziensis*) has advanced through the selection of superior families or individuals, mainly for dry matter yield (DMY) and bromatological quality. Understanding the genetic correlation between these parameters can guide strategies to achieve more significant yields in breeding programs. Thus, the aim of this study was to evaluate forage productivity, nutritional value, and estimate the genetic correlation between these characteristics of two hundred half-sibling families of *U. ruziziensis*. The families were planted in a randomized block design with three replications, and two cuts of the aboveground part of the plants were made at two-month intervals. The weight of green matter from each plot was recorded in the field, and then samples of 400 grams were dried in an oven at 65°C for 72 hours to estimate DMP. These samples were ground in a mill with a 1mm mesh sieve, and their reflectances were read using near-infrared spectroscopy (NIRS) for subsequent prediction via calibrated models. In total, 187 families were used in the subsequent analyses. ANOVA was used to estimate the genetic components of variance, narrow-sense heritability (h^2). The families were also grouped through principal component analysis (PCA), and simple and genetic correlations between the characteristics were studied, considering the average of the 2 cuts. Statistical analyses were performed in R v. 4.3.1, using the agricolae, lme4, car, and HorRM packages. There was a significant difference for DMY, crude protein (CP), in vitro dry matter digestibility (IVDMD), acid

detergent fiber (ADF), cellulose (CEL), and hemicellulose (HEMICEL) ($p < 0.001$), however, there was no significant difference for lignin (LIG). The overall mean of DMY was 0.515 and 0.770 kg/plot for the nine most productive families. The overall mean of CP was 7.38%, and 8.52% for the best families. For IVDMD, the overall mean was 63.20%, and 65.96% for the nine best families. The overall mean of ADF was 62.81%, and for the nine best families, it was 61.3%. The overall mean of ADF was 33.84%, and for the nine best families, it was 32.4%. The overall mean of LIG was 2.6%, and for the nine best families, it was 2.35%. For CEL, the overall mean was around 31.2%, and for the best families, it was 29.8%. For HEMICEL, the overall mean was around 28.9%, and the best families had a mean of 28.2%. The values of narrow-sense heritability of DMY, CP, IVDMD, ADF, and ADF were 0.26, 0.28, 0.37, 0.28, and 0.31 respectively. PCA indicated, through simple correlations, that productivity components are not correlated with quality components. However, DMY had a strong positive genetic correlation with ADF (0.74), moderate for ADF (0.67) and CEL (0.66), weak for LIG (0.26), and HEMICEL (0.23), showing that fibrous components tend to increase in a selection aiming at increasing productivity in this population and a strong negative genetic correlation with CP (-0.90), and weak positive correlation with IVDMD (0.15) demonstrating that when selecting individuals for quality, consequently, fiber components and DMY decrease. CP showed a strong positive genetic correlation with IVDMD (0.73), and negative for all fibrous components, (ADF -0.86, ADF -0.76, CEL -0.75, LIG -0.36, and HEMICEL -0.29). IVDMD showed a negative genetic correlation with LIG (-0.90), HEMICEL (-0.80), ADF (-0.52), ADF (-0.11), but not with CEL (0.00). Selection in this population for DMY may have a negative impact on quality characteristics such as CP and IVDMD. On the other hand, selection for low fiber content and/or high CP content may increase IVDMD, improving forage quality.

Keywords: forages, genetic correlation, spectroscopy, plant breeding

INTRODUÇÃO

As gramíneas forrageiras possuem grande importância na pecuária brasileira, principalmente aquelas pertencentes ao gênero *Urochloa*, pois estão presentes em grandes extensões de áreas cultivadas e são representantes da maior quantidade de sementes de forrageiras comercializadas no país (Valle et al., 2022).

A *Urochloa ruziziensis*, espécie com alto valor nutritivo, tem sido amplamente utilizada tanto em pastagens solteiras como em sistemas de integração lavoura pecuária e floresta no Brasil.

Produz grande quantidade de palhada, descompacta solos, apresenta bons níveis nutricionais e sensibilidade a herbicidas, o que permite a utilização de menores doses na dessecação previamente à semeadura de culturas. Em épocas de chuvas, o capim ruziziensis apresenta boa capacidade de rebrota e rápido estabelecimento. Além disso, possui boa cobertura de solo, capacidade de consorciação com leguminosas, florescimento concentrado e boa produtividade de sementes (Valle et al., 2022).

A espécie é alógama e diploide com $2n=2x=18$ cromossomos. No melhoramento genético, a *U. ruziziensis* é tetraploidizada e utilizada em cruzamentos com outras espécies apomíticas do gênero para aumentar a variabilidade genética e selecionar híbridos apomíticos superiores com teores de digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS) em torno de 70%, altos teores de Proteína Bruta (PB), cerca de 15%, e baixos teores de Lignina (Lig) e de fibra em detergente neutro (FDN), quando comparada a outras espécies de *Urochloa* (Valle et al., 2022).

Programas de melhoramento genético de *Urochloa ruziziensis* têm visado plantas com maior qualidade e produtividade de forragem, além de maior persistência. A utilização da espectroscopia no infravermelho próximo (NIRS) tem facilitado a seleção fenotípica desses materiais por meio da predição de valores bromatológicos. Essa predição acelera os processos de seleção (Sousa et al., 2023) pois possui baixo custo, alta precisão e alta velocidade na obtenção de dados fenotípicos com muito boa repetibilidade (Baath et al. 2020). Através da predição dos valores bromatológicos, é possível estimar a correlação entre esses parâmetros e com isso nortear estratégias de seleção com foco em ganhos mais efetivos nos programas de melhoramento.

A compreensão da variabilidade presente em uma população é crucial em programas de melhoramento, e os componentes de variância desempenham um papel fundamental nesse sentido. Eles são importantes para discernir o quanto dessa variação é ambiental ou genética, proporcionando uma visão sobre a proporção que será herdada dos pais ou atribuída ao meio, e a essa capacidade da prole herdar características dos pais, chama-se herdabilidade. Ela pode ser estimada em sentido amplo ou restrito, sendo este último focado apenas na variância genética

aditiva, especialmente relevante para melhoristas (Ramalho et al.,2021).

A herdabilidade pode ser aumentada introduzindo variabilidade genética na população como também reduzindo a variação do ambiente, o que reflete na variação fenotípica total. É particularmente valiosa ao antecipar o ganho de seleção, permitindo uma escolha mais eficiente dos métodos de seleção e alternativas no processo de condução do programa. Isso possibilita a estimativa da média dos parâmetros da nova população, como a produtividade de matéria seca, frações fibrosas ou qualidade do material quando se falando de forrageiras, e fornece uma compreensão mais profunda sobre o progresso genético (Vencovsky, 1969; Ramalho et al., 2021).

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a produtividade de forragem, seu valor nutritivo, além de estimar a herdabilidade e ganhos de seleção para as características estudadas, através de teste de progênies de meios irmãos de uma população de *U. ruziziensis*.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado nos campos experimentais da Embrapa Cerrados, em Planaltina, DF, Brasil (15°35' S, 47°42' W, 1007 m), em área de solo Latossolo Vermelho argiloso distrófico. Uma população inicial foi estabelecida a partir do cruzamento de plantas provenientes da mistura física das sementes de 11 acessos de *U. ruziziensis* existentes na Coleção de Base da Embrapa e, com a população mais próxima ao equilíbrio de acasalamento aleatório, Hardy-Weinberg, iniciaram-se os testes de progênies cujas 200 plantas-mães foram estabelecidas aleatoriamente sem seleção. As plantas-mães foram cultivadas a campo em novembro de 2019, com parcelas de plantas individuais, sem repetição, com espaçamento de 1,5m entre plantas. Sementes de cada parental foram colhidas de forma individualizada, em maio de 2020, a partir do corte de inflorescências amadurecidas, que foram beneficiadas no Laboratório de Análise de Semente da Embrapa Cerrados.

O experimento de avaliação de famílias de meios-irmãos foi implantado em fevereiro de 2021, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições de 200 famílias, em parcelas

de 2 m² por família, totalizando 600 parcelas. Cada parcela foi composta por oito plantas, espaçadas de 25 cm entre si, com espaçamento de 1 m entre parcelas. Foram realizados dois cortes da parte aérea das plantas para avaliação da produtividade de forragem, a uma altura de 15 cm do solo, sendo o primeiro em fevereiro de 2022 e o segundo em maio do mesmo ano.

A matéria verde (MV) foi pesada ainda em campo (kg/parcela). As amostras foram secas em estufa a 65°C por 72 horas e foi estimada a produtividade de matéria seca (PMS). Para fins de análises químicas bromatológicas, as amostras secas foram trituradas em moinho Willey com uma malha de 1mm. Os espectros foram obtidos em equipamento FOSS NIR 5000 Sistema II tipo 461006 (FOSS Analytical SA, DK 3400 Hilleroed, Dinamarca) com o *software* ISIScan v.2.85.3 (ISI Software, FOSS Analytical AB, Höganäs, Suécia). O equipamento captura espectros em uma faixa de comprimento de onda de 1100 a 2500 nm. O programa “The Unscrambler® X v.10.5.1” (CAMO Software AS, Oslo, Noruega) foi utilizado para modelagem e estimativa dos teores de fibra detergente neutro (FDN), fibra detergente ácido (FDA), proteína bruta (PB) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO), a partir dos espectros obtidos.

Das 200 famílias plantadas, 22 foram perdidas e 178 foram utilizadas para as análises estatísticas. Os pressupostos da análise de variância (ANOVA) foram verificados a partir dos testes de Shapiro-Wilk para normalidade dos resíduos, Teste de Levene e Fligner-Killeen para homogeneidade e o Teste de Durbin Watson para independência. Foi realizada a análise de variância adotando-se o teste F de Snedecor e para a comparação de médias o teste Fisher LSD (p=0,05).

Foram calculadas a herdabilidade em sentido restrito (h^2), dividindo a variância genética aditiva pela variância fenotípica, através da fórmula $h^2 = \frac{\widehat{\sigma}_F^2}{\widehat{\sigma}_F^2 + \frac{\sigma_e^2}{b}}$. Os ganhos esperados da seleção direta para cada característica específica foram calculados pela fórmula $G = h^2 * c * k * S$, onde k = diferencial de seleção padronizado = 1,76 para 5% de pressão de seleção; c = fator de controle parental; h^2 = estimativa de herdabilidade de sentido restrito para uma característica; e S

= desvio padrão fenotípico (Hallauer e Miranda, 1981; Nguyen e Sleper, 1983).

As correlações simples foram calculadas através da análise dos componentes principais (PCA), e as correlações genéticas através dos componentes genéticos de variância e entre as características estudadas. A covariância genética (covG) revela a associação entre as variações genéticas de duas características na população. Quando covG (A, B) é positiva, indica que os alelos que promovem a expressão de A também estão relacionados aos que promovem a expressão de B, e vice-versa. Por outro lado, uma covariância genética negativa sugere uma associação inversa entre as variações genéticas das duas características.

As análises estatísticas foram realizadas em software R versão 4.3.1, com os pacotes *agricolae* (Delgado, 2009), *lme4* (Bates et al., 2015), *car* (Fox & Weisberg, 2019) e *HorRM* (Young, 2017).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observaram-se diferenças significativas entre as famílias em relação aos parâmetros produtividade de matéria seca (PMS), proteína bruta (PB), digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS), fibra detergente ácido (FDA), celulose (CEL), hemicelulose (HEMICEL) ($p < 0,001$) e fibra detergente neutro (FDN) ($p < 0,01$), o que demonstra variabilidade genética entre as famílias para estas características. Entretanto, não foram observadas diferenças significativas entre famílias ($p > 0,05$) para teor de lignina (LIG). A média geral para PMS foi de 0,515 kg/parcela, PB 7,38%, DIVMS 63,20%, FDN 62,81%, FDA 33,84%, CEL 31,2% e HEMICEL 28,9%. Quando selecionadas as nove melhores famílias para cada característica individual, (pressão de seleção de 5%), os valores médios são 0,770 kg/parcela para PMS, 8,52% para PB, 65,96% para DIVMS, 61,30% para FDN, 32,40 % para FDA, 29,80% para CEL e 28,2% para HEMICEL. Os valores de herdabilidade em sentido restrito de PMS, PB, DIVMS, FDN e FDA foram 0,26, 0,28, 0,37, 0,28 e 0,31, respectivamente (Tabela 1.1).

Esses valores bromatológicos foram superiores aos observados por Souza Sobrinho et al.

(2011) para a planta inteira de *U. ruziziensis* após 52 dias de crescimento, que constataram 57,82% de DIVMS, 6,60% de PB, 76,5% de FDN e 39,9% de FDA, com média de produtividade de forragem de 3,51 ton/ha/corte.

Em sistemas de consorciação, a produtividade média de biomassa observada (Camporezzi, 2022) foi de 3210 kg de MS/ha em *U. ruziziensis* solteira, de 2715 kg de MS/ha em *U. ruziziensis* com *U. brizantha* cv. BRS Paiaguás (na proporção 33% e 67%), de 3166 kg de MS/ha em *U. ruziziensis* com *U. brizantha* cv. BRS Paiaguás (na proporção 67% e 33%) e de 3240 kg de MS/ha de MS/ha em *U. brizantha* cv. Xaraés com *U. brizantha* cv. BRS Paiaguás (na proporção 70% e 30 %). Observando os valores obtidos neste trabalho, extrapolando a média geral de kg/parcela, as famílias obtiveram um acumulado de 2,575 kg de MS/ha e com pressão de seleção um acumulado de 3,850 kg de MS/ha.

As médias de PB observadas no presente estudo estão em conformidade com os resultados observados em estudo com base em meta-análise abrangendo espécies de pastagens tropicais em diversos ambientes (Jayasinghe et al., 2022). Nesse estudo, o gênero *Urochloa* apresentou de 7,6 a 16,4% de PB, dependendo do tipo de ambiente, ficando atrás apenas do gênero *Pennisetum* com relação a essa característica, que apresentou média de PB variando de 10,2 a 17%.

Para DIVMS, a média geral atingiu 63,2%. Sob uma pressão de seleção de 5%, essa média aumentou para 65,96%, superando os resultados observados por Jayasinghe et al. (2022), que relataram uma variação de 54,6% a 64,75%, com média de 58,1% para as espécies de *Urochloa*. No âmbito deste estudo, a *Urochloa* híbrida cv. Mavuno apresentou uma média de digestibilidade de 64,7%, ligeiramente abaixo da média das melhores famílias de *U. ruziziensis* identificadas nesta pesquisa.

As médias de FDN, para a população estudada e para as melhores famílias (62,8 e 61,3%, respectivamente), estão semelhantes às médias de uma população melhorada de *U. ruziziensis* (61,7%) e *U. ruziziensis* comum (61%), e menores que a média de 65% *U. brizantha* cv. Marandu (Souza, 2010). Os teores de FDA (33,8% média geral e 32,4 para as nove melhores famílias)

assemelham com os teores encontrados por Souza (2010) em uma população melhorada de *U. ruziziensis* (33,01%) e a cultivar de *U. ruziziensis* comum (33,25%), esses teores são menores que o teor de FDA em *U. brizantha* cv. Marandu (36,96%), o que indica que esses teores fibrosos não se distinguem dentro da espécie, mas são menores em comparação a espécie de *U. brizantha*, espécie mais cultivada.

As baixas estimativas de herdabilidade em sentido restrito (h^2) para PMS, PB, DIVMS, FDN e FDA (0,26, 0,28, 0,37, 0,28 e 0,31, respectivamente) sugerem uma forte influência ambiental nas características avaliadas (Tabela 1.1). Baixa herdabilidade (0,11) também foi detectada para a produção de matéria seca em progênies de segunda geração de seleção intrapopulacional em *Urochloa ruziziensis* autotetraploide (Simeão et al., 2022) e em comparação a *Andropogon gayanus*, o resultado de herdabilidade em sentido restrito para PMS (0,26) foi inferior ao valor de 0,47, da h^2 em sentido amplo (CIAT, 1981). Características com herdabilidade significativamente influenciada pelo ambiente geralmente resultam em estimativas baixas, frequentemente menores que 0,30, como por exemplo em produção de grãos. Em contrapartida, em características menos suscetíveis às interferências ambientais, características multigênicas, como é o caso de características qualitativas como resistência a certas doenças de plantas e cor de flor, as estimativas tendem a ser maiores (Ramalho et al. 2021).

A seleção com pressão de 5% resulta em ganhos para PMS de 0,14 kg/parcela, 0,69% para PB, 2,07% para DIVMS, 1,05% para FDN e 1,03% para FDA. As médias esperadas na próxima geração para PMS, PB, DIVMS, FDN e FDA foram 0,65, 8,07, 65,27, 61,76, 32,81, respectivamente (Tabela 1.1). Ganhos de seleção também foram identificados em genótipos do gênero *Urochloa*, para a característica de produção de matéria seca total com pressão de seleção de 20% (da Silva, 2019). Além disso, Simeão et al. (2016) estimaram ganhos em progênies de *U. ruziziensis* tetraploide através do valor genético, semelhante à variância genética aditiva, indicando que quanto maior a variância genética maior a possibilidade de aumentar os ganhos esperados na próxima geração.

Na análise dos componentes principais (PCA), as duas primeiras dimensões (Dim1: 52,4% e Dim2: 23%) foram suficientes para explicar aproximadamente 75% da variância acumulada entre as famílias, que ficaram distribuídas em três *clusters*. Essa distribuição sugere diferenças entre famílias, sendo que cada agrupamento pode estar ligado a variações dentro dos componentes estudados, possibilitando uma análise mais detalhada entre esses grupos. Foi observada uma correlação positiva entre PMS, CEL, FDA, FDN, LIG e HEMICEL características representadas pelo *cluster* 1. Correlação positiva também ocorreu entre PB e DIVMS, como mostra o *cluster* 2. Os componentes de qualidade PB e DIVMS correlacionaram-se negativamente com PMS e com os componentes fibrosos CEL, FDA, FDN, LIG e HEMICEL (Figura 2.1).

Os valores das correlações simples e correlações genéticas entre as características estudadas com base na média dos dois cortes, estão representados na Tabela 1.2. A produtividade de matéria seca (PMS) apresentou correlação genética positiva com os componentes fibrosos, sendo essa correlação forte com FDN (0,74), moderada com FDA (0,67) e CEL (0,66) e fraca com LIG (0,26) e HEMICEL (0,23). Os resultados (Figura 2.1 e Tabela 1.2) confirmam correlação genética negativa e forte entre PMS e PB (-0,90) e positiva e fraca entre PMS e DIVMS (0,15), mostrando que quanto maior a produtividade de forragem, maior a proporção de componentes fibrosos e menor teor de qualidade da forragem quanto ao teor de proteína.

A PB, por sua vez, apresentou correlação genética positiva forte com DIVMS (0,73) e correlação negativa com os componentes fibrosos, sendo forte com FDN (-0,86), FDA (-0,76) e CEL (-0,75) e fraca com LIG (-0,36) e HEMICEL (-0,29), indicando que, nesta população, o aumento na PB contribui para o aumento na digestibilidade e na diminuição dos teores de fibras.

A DIVMS apresentou correlação genética forte e negativa com LIG (-0,90) com HEMICEL (-0,80), moderada e negativa com FDN (-0,52), fraca negativa com FDA (-0,11) e não houve correlação com CEL (0,00), confirmando que o aumento da produtividade de matéria seca reduz os índices de digestibilidade da forragem.

A correlação forte e positiva entre PB e DIVMS é de natureza causal (Torres et al., 2016),

de modo que a seleção de indivíduos para melhor qualidade acarreta aumento tanto na proporção de PB quanto em DIVMS e ainda redução dos teores de fibras. Além disso, existe relação direta entre PB e CEL (Torres et al. 2016). A forte correlação negativa entre esses dois parâmetros sugere um decréscimo na qualidade caso a seleção busque um aumento da produtividade de forragem.

As correlações simples variaram de -0,01 (PMS e PB) a 0,99 (FDA e CEL), sendo os valores negativos mais expressivos de -0,89, -0,78 e -0,77 entre PB e os componentes fibrosos FDN, CEL e FDA. Entre os valores positivos, destacaram-se as correlações entre FDA e CEL (0,99), FDA e FDN (0,87) e FDN e CEL (0,85).

Em trabalho utilizando híbridos de *U. decumbens* ou *U. brizantha* x *U. ruziziensis*, Gouveia et al. (2020) também observaram correlações simples negativas entre PMS e PB (-0,24), correlação negativa moderada entre PB e FDN (-0,67) e correlação positiva entre FDN e LIG (0,53) e entre PB e DIVMS (0,51). Foi estimada a correlação entre o rendimento de massa foliar de alto valor nutritivo e algumas características bromatológicas, demonstrando que um aumento na produtividade de matéria seca total pode estar associado a um maior rendimento de folhas com alto valor nutritivo (Gouveia et al., 2020). Também foi indicado que a matéria seca foliar, juntamente com o peso de matéria seca total e a capacidade de rebrota estão interligados e podem ser considerados fatores relevantes na seleção de indivíduos de maior qualidade (Gouveia et al., 2020). Embora esse aspecto não tenha sido abordado no presente estudo, pode ser importante em pesquisas futuras.

Esses resultados sugerem que a seleção direcionada à PMS poderá diminuir a qualidade da forragem em *U. ruziziensis*, diminuindo os valores de PB e DIVMS e aumentando o teor de fibras indigestíveis. Por outro lado, a variabilidade apresentada pela população indica que é possível selecionar famílias com alta PMS e alto teor de PB (Figura 1). Como a h^2 foi baixa para todas as características avaliadas, haverá a necessidade de se utilizar métodos mais precisos de seleção (genotípicos) e maior número de ciclos de seleção para que se obtenha ganhos significativos. Também, como plantas de cobertura, o incremento na PMS em detrimento da

qualidade pode ser positivo, principalmente em sistemas integrados de produção tipo ILPF e suas variações. Estudos mostram também que aproximadamente 4000 kg/ha de matéria seca de *U. ruzizensis* são suficientes para suprimir plantas daninhas na época de maior interferência no cultivo do milho, sendo assim dispensada a aplicação de herbicidas nesta fase (Paciullo et al., 2022).

Nos genótipos estudados, os resultados mostram a possibilidade de seleção visando: (i) plantas com maior qualidade bromatológica para alimentação animal, ressaltando materiais com altos teores de PB e DIVMS e menores quantidades de componentes fibrosos; (ii) Genótipos mais adaptados à produção de maiores quantidades de matéria seca, com aptidão para uso como plantas de cobertura, para formação de palhada e (iii) Genótipos com alta PMS e alto teor de PB após vários ciclos de seleção genotípica.

CONCLUSÃO

Genótipos de *Urochloa ruzizensis* divergem bastante no tocante à produtividade e à qualidade bromatológica de forragem. Há variabilidade suficiente para que se faça progresso em seleção nos programas de melhoramento para produtividade e qualidade forrageira. Correlações negativas foram frequentes entre a produtividade e a qualidade bromatológica da forragem dessa espécie, o que destaca a viabilidade de orientar o melhoramento genético tanto para forragem quanto para plantas de cobertura nesse contexto. Alternativamente, pela variabilidade apresentada, pode haver potencialmente um aumento na produtividade de matéria seca total associada a uma maior produtividade de folhas, resultando em seleções mais produtivas e com alto valor nutritivo a longo prazo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BAATH, GS, BAATH, HK., GOWDA, PH, THOMAS, JP, NORTHUP, BK., RAO, SC, and SINGH, H. (2020) Predicting Forage Quality of Warm-Season Legumes by Near Infrared Spectroscopy Coupled with Machine Learning Techniques. **Sensors** (Basel), 20(3).

<https://doi.org/10.3390/s20030867>

BATES D, MÄCHLER M, BOLKER B, WALKER S (2015). “Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4.” *Journal of Statistical Software*, 67(1), 1–48. [doi:10.18637/jss.v067.i01](https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01).

Camporezi JS (2022). **Composição química e morfológica de pastos safrinha na integração lavoura pecuária**. Trabalho de conclusão de curso (Graduação). Universidade Estadual Paulista (Unesp). 40 p. <https://repositorioslatinoamericanos.uchile.cl/handle/2250/5415998>

DA SILVA, RB (2019). **Repetibilidade e seleção em genótipos do gênero *Urochloa* spp.** Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG). 57p. <http://hdl.handle.net/1843/50605>

DELGADO, FM (2009) **Una herramienta de analisis estadístico para la investigación agrícola**. Universidad Nacional de Ingeniería (Perú). <http://cybertesis.uni.edu.pe/handle/uni/14814>

FOX J & WEISBERG S (2019). *An R Companion to Applied Regression*, Third edition. Sage, Thousand Oaks CA. <https://socialsciences.mcmaster.ca/jfox/Books/Companion/>.

GONÇALVES FMA, NUNES JAR., SOUZA SOBRINHO FD, TEIXEIRA DHL, TEIXEIRA AL (2011). Dissimilaridade genética de clones de *Brachiaria ruziziensis* baseada em características morfológicas e de produção de forragem. In: **Congresso Brasileiro de Melhoramento de plantas**, 6, 2011, Buzios-RJ. Anais.Lavras:UFLA, 2011. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/54224/1/CBMP-2011-2.pdf>

GOUVEIA BT, BARRIOS SCL, DO VALLE CB, GOMES RC, MACHADO WKR, BUENO FILHO JSS and NUNES JAR (2020). Selection strategies for increasing the yield of high nutritional value leaf mass in *Urochloa* hybrids. **Euphytica** 216, 38.

<https://doi.org/10.1007/s10681-020-2574-3>

HALLAUER, A. R., CARENA, M. J, MIRANDA, J. B. (1988). Quantitative Genetics in Maize Breeding (2nd ed.). Iowa, Ames. USA: Iowa State University Press. <https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4419-0766-0>, <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0>

JAYASINGHE P, RAMILAN T, DONAGHY DJ, PEMBLETON KG AND BARBER DG (2022). Comparison of Nutritive Values of Tropical Pasture Species Grown in Different Environments, and Implications for Livestock Methane Production: A Meta-Analysis. *Animals*. 12(14):1806 <https://doi.org/10.3390/ani12141806>

NGUYEN, H.T., SLEPER, D.A. (1983). Theory and application of half-sib matings in forage grass breeding. *Theoret. Appl. Genetics* 64, 187–196. <https://doi.org/10.1007/BF00303763>

PACIULLO DSC, BRIGHENTI A.M, GOMIDE CAM, CASTRO CRT, SOUZA SOBRINHO F, SOUZA EMB and SILVA RB (2022). **Milho em plantio direto sobre palhada de cultivares de *Urochloa ruziziensis* (Kennedy e BRS Integra)**. Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, 27p. ISSN 0104-9046; 45. Available at: < <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1149894> >. Accessed on: feb. 23. 2023.

RAMALHO MAP; SANTOS JB DOS; PINTO CABP; SOUZA EA DE, GONÇALVES FMA; SOUZA JC DE. **Genética na Agropecuária**. 6ª ed. ver. Lavras: UFLA, 2021

SIMEÃO RM; do VALLE CB; de RESENDE MDV; MEDEIROS SR; SILVA AS; RAGALZI CDM; JANK L; BARRIOS SCL and SANTOS MF. (2016). **Melhoramento de *Brachiaria ruziziensis* Germain & Evrard (sin. *Urochloa ruziziensis*) autotetraploide: resultados da**

avaliação genética de subpopulações, progênies e indivíduos. Embrapa Gado de Corte: Campo Grande. 30p. ISSN: 1983-9715 Available at < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/153474/1/Melhoramento-de-Brachiaria-ruzizensis-Germain.pdf> >. Accessed on: jan. 31. 2024

SIMEÃO RM., RAPOSO A., VILELA MDM, MARTINS FB, de RESENDE MDV., BARRIOS SCL, MEIRELES KGX, Do VALLE CB, JANK L, SANTOS MF, and de SOUSA AP. (2022). **Melhoramento genético de *Brachiaria ruzizensis* Germain & Evrard (sin. *Urochloa ruzizensis*) autotetraploide: resultados do segundo ciclo de seleção intrapopulacional e estratégias para aumentar a eficiência da seleção.** Embrapa Gado de Corte, Campo Grande; 30p. ISSN: 1983-9715 Available at: < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/1149261/1/Melhoramento-genetico-brachiaria-2022.pdf> >. Accessed on: jan. 31. 2024.

SOUSA MB, SAMPAIO FILHO JS, DE ANDRADE LRB and de OLIVEIRA EJ (2023). Near-infrared spectroscopy for early selection of waxy cassava clones via seed analysis. **Frontiers in Plant Science**, 14:1089759 <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1089759>

SOUZA SOBRINHO FS, CARNEIRO H, LÉDO FJS and SOUZA FF (2011). Produtividade e qualidade da forragem de *Brachiaria* na Região Norte Fluminense. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias**, v. 2, n. 3 <https://revistas.unicentro.br/index.php/repaa/article/view/1502>

SOUZA, FF (2010). **Produção, qualidade e estimativas de parâmetros genéticos em *Brachiaria ruzizensis* German et Everard.** Tese (Doutorado). Lavras: UFLA, 205p. http://repositorio.ufla.br/bitstream/1/4295/1/TESE_Produ%C3%A7%C3%A3o,%20qualidade%20e%20estimativas%20de%20par%C3%A2metros%20gen%C3%A9ticos%20em%20Brachiaria%20ruzizensis%20Germain%20et%20Everard.pdf

TORRES FE, DO VALLE CB, LEMP B, TEODORO PE, DOS SANTOS A and RIBEIRO LP (2016) Contribuição dos caracteres de qualidade da forragem ao teor de proteína bruta em *Urochloa brizantha*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 51: 284-287. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2016000300011>

VALLE, C. B.; EUCLIDES, V. P. B.; SIMEÃO R. M.; BARRIOS, S. C.; L. and JANK, L. (2022) Gênero *Brachiaria*. In: FONSECA, DM; MARTUSCELLO, JÁ (Ed.). **Plantas Forrageiras –2º ed.. rev. e ampl.**. Viçosa, MG: Ed. UFV, p. 23-76.

VENCOVSKY, ROLAND. ' **Genética Quantitativa**. ' In: Kerr, Warwick Estevam. **Melhoramento e Genética**. São Paulo: Editora Melhoramentos, 1969. pp. 17-37

YOUNG DS (2017). *Handbook of Regression Methods*. (1st ed.). Chapman and Hall/CRC Press/Taylor & Francis Group, Boca Raton, FL. <https://doi.org/10.1201/9781315154701>

ANEXOS

Tabela 1.1. Média geral, média das famílias selecionadas com pressão de seleção (MFS 5%), ganho de seleção (GS), média esperada na próxima geração (MEPG 5%) e herdabilidade em sentido restrito (h^2) para produtividade de matéria seca (PMS) em kg/parcela, proteína bruta em porcentagem(PB), digestibilidade *in vitro* de matéria seca em porcentagem (DIVMS), de fibra em detergente neutro em porcentagem (FDN), fibra em detergente ácido em porcentagem (FDA), lignina em porcentagem (LIG), celulose em porcentagem (CEL) e hemicelulose em porcentagem (HEMICEL) em progênies de meios-irmãos de *Urochloa ruziziensis*.

VARIÁVEIS	MÉDIA	MFS (5%)	GS (5%)	MEPG (5%)	h^2
PMS	0,51***	0,77	0,14	0,65	0,26
PB	7,38***	8,52	0,69	8,07	0,28
DIVMS	63,20***	65,96	2,07	65,27	0,37
FDN	62,81**	61,30	1,05	61,76	0,28
FDA	33,84***	32,40	1,03	32,81	0,31
LIG	2,60 ^{ns}	2,35	0,11	2,48	0,22
CEL	31,24***	29,83	1,00	30,24	0,33
HEMICEL	28,98**	28,21	0,60	28,37	0,35

Teste F entre famílias: *** $p < 0,001$; ** $p < 0,01$; ^{ns} não significativo ($p > 0,05$)

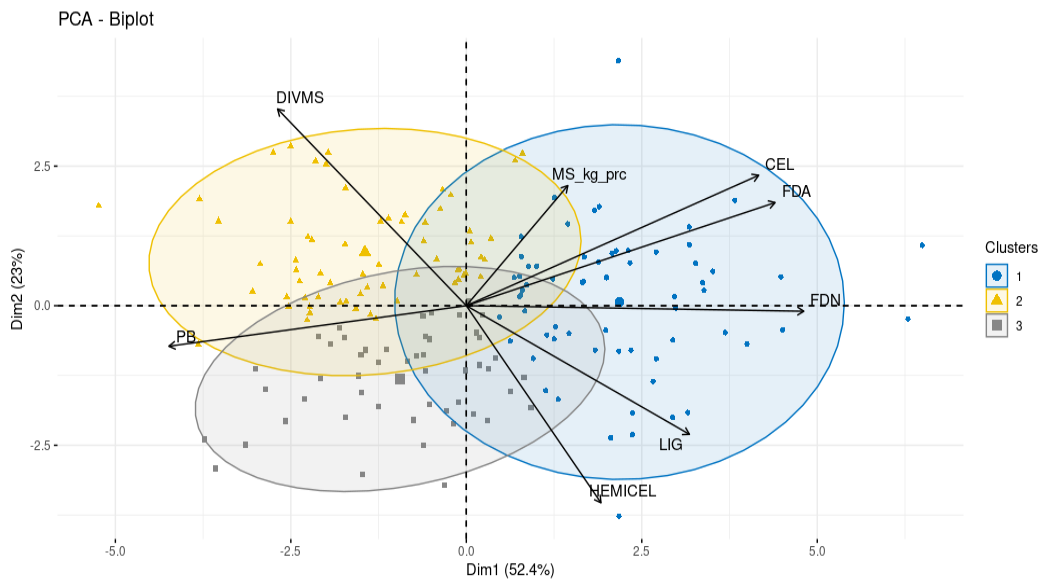


Figura 2.1. Correlação PCA das variáveis em estudo e seus respectivos *clusters*, constituídos por 178 famílias de meios-irmãos de *U. ruziensis*.

MS=PMS= produtividade de matéria seca, PB= proteína bruta, FDN= fibra em detergente neutro, FDA= fibra em detergente ácido, LIG= lignina, CEL= celulose e HEMICEL= hemicelulose.

Tabela 1.2. Correlações lineares simples, diagonal parte superior da tabela, e correlações genéticas, diagonal parte inferior, entre características de qualidade e produtividade para famílias de meios-irmãos de *U. ruziziensis*. Em que PMS= produtividade de matéria seca, PB= proteína bruta, FDN= fibra em detergente neutro, FDA= fibra em detergente ácido, LIG= lignina, CEL= celulose e HEMICEL= hemicelulose.

	PMS	PB	DIVMS	FDN	FDA	LIG	CEL	HEMICEL
PMS	1,00	-0,01	0,06	-0,07	0,11	0,07	0,10	-0,32
PB	-0,90	1,00	0,29	-0,89	-0,77	-0,21	-0,78	-0,52
DIVMS	0,15	0,73	1,00	-0,50	-0,31	-0,67	-0,22	-0,51
FDN	0,74	-0,86	-0,52	1,00	0,87	0,43	0,85	0,58
FDA	0,67	-0,76	-0,11	0,86	1,00	0,41	0,99	0,11
LIG	0,26	-0,36	-0,90	0,65	0,42	1,00	0,27	0,19
CEL	0,66	-0,75	0,00	0,81	0,99	0,30	1,00	0,08
HEMICEL	0,23	-0,29	-0,80	0,40	-0,13	0,52	-0,21	1,00

CAPÍTULO 3. VARIABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE *UROCHLOA RUZIZIENSIS* PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE SEMENTES²

² Trabalho será submetido à revista Pesquisa Agropecuária Brasileira PAB

VARIABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE *UROCHLOA RUZIZIENSIS* PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE SEMENTES

Érika Moreira dos Santos¹, Ricardo Carmona¹, Cláudio Takao Karia², Carlos Eduardo Lazarini da Fonseca², Allan Kardec Braga Ramos², Marco Pessoa-Filho²

¹ Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Campus Darcy Ribeiro, CEP 70910-900, Brasília, DF, Brazil. E-mail: erikamoreirasantos15@gmail.com, rcarmona@unb.br

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Cerrados, CEP: 73310-970, Brasília, DF, Brazil. Email: carlos.lazarini@embrapa.br; claudio.karia@embrapa.br; allan.ramos@embrapa.br; marcopessoa@embrapa.br

RESUMO: Objetivou-se avaliar a variabilidade fenotípica de genótipos de *Urochloa ruziziensis* quanto à produtividade, qualidade e dormência de sementes, para fins de seleção de indivíduos promissores para uso em programas de melhoramento. Foram avaliados 24 genótipos (plantas-mães) selecionadas a partir de 240 genótipos de uma população de *U. ruziziensis* estabelecida a partir de acessos da coleção de base da Embrapa. Em cada indivíduo, foi feita a contagem do número de inflorescências por planta e mensurado o número de racemos por inflorescência, o número de sementes no racemo mediano e o comprimento médio do racemo. Após a degrana em coletores, as espiguetas (sementes) foram recolhidas e pré-limpas manualmente, com o auxílio de peneiras e, na sequência, pesadas. As sementes foram então homogeneizadas e aquelas cheias (contendo cariópse) foram separadas das vazias (sem cariópse), por meio de soprador de sementes, sendo determinada a massa e proporção na massa das sementes cheias. Em cinco repetições de 100 sementes estimaram-se a porcentagem, em número, de sementes cheias e vazias e também a massa de mil sementes. A viabilidade das sementes cheias foi determinada pelo teste de tetrazólio e a germinação foi testada em duas condições: a 30°C, no escuro, gerbox com água destilada (GTC); e a 20/30°C (12/12 horas), com luz, em nitrato de potássio (0,2%), e a dormência estimada pela diferença da média das duas germinações e a viabilidade. As características de inflorescências por planta, massa de sementes cheias em peso e massa de sementes cheias em porcentagem, foram mensuradas a partir dos valores absolutos das mensurações por planta e, assim não passaram por análise de variância. Foi realizada análise de variância para os componentes de produtividade: massa de mil sementes, número de sementes no racemo mediano, comprimento de racemo, número de racemo na inflorescência e índice de sementes cheias, e também para viabilidade e germinação e, em caso de significância, as médias foram agrupadas por meio do teste de Scott-Knott ($p \leq 0.05$), por meio do programa R versão 4.1.2. Houve diferença significativa para massa de mil sementes, comprimento médio de racemo, índice de sementes cheias, germinação em temperatura constante, germinação em temperatura alternada e média de germinação ($p < 0,001$), número de sementes no

racemo mediano, número de racemos por inflorescência e dormência ($p < 0,01$) e viabilidade ($p < 0,05$). O valor médio da massa de mil sementes foi de 8,5g, comprimento médio de racemo foi 5cm, índice de sementes cheias foi de 32%, germinação em temperatura constante foi de 37%, germinação em temperatura alternada de 31%, média de germinação foi de 34%, número de sementes no racemo mediano foi de 32 sementes, número de racemos por inflorescência foi de 4 racemos, dormência de 46% e viabilidade de 80%. Existe variabilidade para a produtividade, qualidade e dormência das sementes entre os genótipos de *Urochloa ruziziensis* avaliados, permitindo a utilização dessas variáveis como critérios para a seleção de plantas para o programa de melhoramento genético da espécie.

Palavras chaves: semente; viabilidade; produtividade; tetrazólio; germinação; brachiaria; gramíneas; forrageira;

ABSTRACT: The objective was to evaluate the phenotypic variability of *Urochloa ruziziensis* genotypes regarding productivity, quality, and seed dormancy, aiming at selecting promising individuals for use in breeding programs. Twenty-four genotypes (mother plants) were evaluated from 240 genotypes of a *U. ruziziensis* population established from accessions of the Embrapa base collection. In each individual, the number of inflorescences per plant was counted, and the number of racemes per inflorescence, the number of seeds in the median raceme, and the average length of the raceme were measured. After threshing in collectors, the spikelets (seeds) were manually pre-cleaned, using sieves, and then weighed. The seeds were then homogenized, and the filled (containing caryopsis) were separated from the empty (without caryopsis) ones using a seed blower, and the mass and proportion in the mass of filled seeds were determined. In five repetitions of 100 seeds, the percentage, in number, of filled and empty seeds was estimated, as well as the mass of a thousand seeds. The viability of filled seeds was determined by the tetrazolium test, and germination was tested under two conditions: at 30°C, in the dark, in a germination box with distilled water (GTC); and at 20/30°C (12/12 hours), with light, in potassium nitrate (0.2%), and dormancy was estimated by the difference in the average of the two germinations and viability. The characteristics of inflorescences per plant, mass of filled seeds in weight and mass of filled seeds in percentage, were measured from the absolute values of the measurements per plant and thus did not undergo analysis of variance. Analysis of variance was performed for productivity components: mass of a thousand seeds, number of seeds in the median raceme, raceme length, number of racemes per inflorescence, and index of filled seeds, as well as for viability and germination, and in case of significance, the means were grouped using the Scott-Knott test ($p \leq 0.05$), using the R program version 4.1.2. There was a significant difference for mass of a thousand seeds, average raceme length, index of filled seeds, germination at constant temperature, germination at alternating temperature, and germination average ($p < 0.001$), number of seeds in

the median raceme, number of racemes per inflorescence, and dormancy ($p < 0.01$) and viability ($p < 0.05$). The average value of mass of a thousand seeds was 8.5g, average raceme length was 5cm, index of filled seeds was 32%, germination at constant temperature was 37%, germination at alternating temperature was 31%, germination average was 34%, number of seeds in the median raceme was 32 seeds, number of racemes per inflorescence was 4 racemes, dormancy was 46%, and viability was 80%. There is variability for productivity, quality, and seed dormancy among the evaluated *Urochloa ruziziensis* genotypes, allowing the use of these variables as criteria for selecting plants for the species' genetic improvement program.

Keywords: seed; viability; yield; tetrazolium; germination; brachiaria; grass; forage;

INTRODUÇÃO

O avanço da implantação de sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta tem acarretado o aumento pela demanda de espécies com maior produtividade de forragem, maior valor nutritivo e com maior produtividade de sementes. Devido à plasticidade fenotípica encontrada em *U. ruziziensis*, essa gramínea tem se destacado no cenário agropecuário pela ampla disponibilidade de sementes e de características que facilitam o seu manejo como planta de cobertura e como forrageira.

A área implantada para a produção de sementes de *U. ruziziensis* em 2022/2023 superou a marca de 60.000 hectares no Brasil (SIGEF, 2024). De maneira geral, as principais dificuldades para a produção de sementes de gramíneas forrageiras incluem a baixa produtividade, o alto percentual de sementes vazias, aliadas a dificuldades reativas à etapa de colheita, como dessincronização de florescimento, desuniformidade na maturação e degrana, frequentes em espécies do gênero *Urochloa*. Esses fatores, aliados a mecanismos de dormência, prejudicam a germinação e o vigor das sementes, demandando um bom planejamento, manejo e condução desde a semeadura até a colheita (Brandão et al., 2021).

A quantidade de sementes vazias, ou seja, o índice de esterilidade de espiguetas, também afeta bastante a produtividade e a qualidade de sementes, fator este que pode variar dependendo da espécie, genótipo e localidade onde está implantado o campo de produção de semente (Carmona et al., 1999). Nesse contexto, avaliações de componentes de produção de sementes,

como produtividade, índice de esterilidade de espiguetas, viabilidade, germinação e vigor são parâmetros importantes para compreender as variações na produtividade, sendo úteis para a seleção visando ao melhoramento vegetal de espécies do gênero *Urochloa*. A produtividade de sementes determina o seu custo e o preço final, facilitando a adoção e a redução substancial nos custos de implantação de pastagens e de plantas de cobertura.

Embora as cultivares de *U. ruziziensis* não apresentem problemas relacionados à produtividade e à qualidade das sementes, a presença de variabilidade genética e a seleção de plantas para características de produção e qualidade de forragem pode afetar adversamente a produção de sementes na população melhorada, se houver antagonismo entre crescimento vegetativo e o esforço reprodutivo. A associação complexa e inversa entre a produtividade de forragem e a produção de sementes é evidenciada em forrageiras como o capim colômbio (*Megathyrsus maximus*), uma forrageira tropical com alta produção de sementes, mas sujeita a forte estacionalidade na produção de forragem (Corsi & Santos, 1995), o azevém (*Lolium multiflorum*), típico de climas temperados (Muller et al., 2012), e o amendoim forrageiro (*Arachis pintoi* e *Arachis repens*), prevalente em climas tropicais (Miqueloni, 2018), revela-se como uma correlação negativa influenciada por uma variedade de fatores biológicos e ambientais. Essa inter-relação complexa pode ser atribuída à alocação de recursos, estratégias de reprodução e variação ambiental, sublinhando a intrincada natureza desse fenômeno.

Neste sentido, o objetivo do presente trabalho é avaliar a variabilidade fenotípica de genótipos de *Urochloa ruziziensis* quanto à produtividade, qualidade e dormência de sementes, para fins de seleção de materiais para uso em programas de melhoramento.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado na Embrapa Cerrados, em Brasília, DF, Brasil (coordenadas 15°35' S, 47°42' O, altitude de 1007 m) em área de solo Latossolo Vermelho argiloso distrófico. A partir de 240 indivíduos aleatórios de *U. ruziziensis*, representativos da mistura de todos os 11

acessos de *U. ruziziensis* existentes na Coleção de Base da Embrapa, fez-se o inter cruzamento entre eles e conduziu-se teste de suas progênies de meios-irmãos. Com base na produtividade de forragem e do valor nutritivo dessas progênies, foram selecionados e inter cruzados os 24 melhores indivíduos (plantas-mãe) para, em seguida, ser feita avaliação da produtividade, componentes de produção e da qualidade fisiológica das sementes produzidas. As plantas-mães selecionadas foram levadas ao campo, a partir de mudas, em novembro de 2019 e desde então foi feito o manejo com capinas, cortes anuais de uniformização no início da estação chuvosa e adubação de base com o equivalente a 500 kg/ha da fórmula 10-10-10 e cobertura com equivalente a 50 kg/ha de nitrogênio (ureia).

Para avaliar os componentes de produção de sementes, em janeiro de 2023, previamente à antese foram montados coletores de sementes, confeccionados manualmente com clarite, nas dimensões 120 x 75 cm e costurados em cano de PVC de 250 mm de diâmetro, presos em duas estacas, uma de ferro e outra de madeira, permanecendo no campo até o final da degrana (Figura 3.1). Após contagem do número de inflorescências por planta (IP), cinco inflorescências de cada indivíduo foram selecionadas aleatoriamente para mensurar o número de racemos por inflorescência (NRI), o número de sementes no racemo mediano (NSRM) e o comprimento médio do racemo (CR). De cada planta, todas as espiguetas (sementes cheias e vazias) foram recolhidas nos coletores em maio de 2023 e pré-limpas manualmente, com o auxílio de peneiras com abertura de 2,0 mm e de 1,5 mm e, na sequência, pesadas. As sementes foram então homogeneizadas e pesadas. Aquelas com cariopse (as cheias) foram separadas das vazias (sem cariópse), por meio de soprador de sementes do tipo/marca Motoyama Engineering works modelo 17350, configurado na abertura para ventilação de 2 cm. A partir destas sementes, fez-se a determinação da massa das sementes cheias, em gramas (MSC) e sua porcentagem em peso (MSC%) em relação ao produzido e recolhido de cada planta. Em cinco repetições de 100 sementes pré-limpas estimaram-se a porcentagem, em número, de sementes cheias e vazias e a massa de mil sementes (PMS) das sementes cheias. As características de número de inflorescência por planta (IP), massa de sementes

cheias em grama (MSC) e em porcentagem em peso (MSC%) foram mensuradas a partir dos valores absolutos das mensurações por planta, razão pela qual não tiveram repetição e assim não passaram por análise de variância.

A viabilidade das sementes cheias dos genótipos foi determinada por meio do teste de tetrazólio (Brasil, 1992). Para esse fim, quatro repetições de 25 sementes foram pré-umedecidas em água destilada por 16 horas, a 30°C, e cortadas longitudinalmente através do endosperma e do embrião de modo que as duas metades cortadas das sementes ficassem presas pelas glumas. As sementes foram então imersas em solução de 2,3,5-trifenil cloreto de tetrazólio (0,5% m/V) por 3 horas, a 30°C, no escuro. Com o auxílio de lupa estereoscópica e com base na distribuição e na intensidade da coloração de embrião, caracterizaram-se as sementes como viáveis ou não viáveis (Figura 3.2).

A germinação das sementes cheias foi testada em duas condições: a 30°C, no escuro, em água destilada; e a 20/30°C (12/12 horas), com luz, em nitrato de potássio (0,2% m/V). Para cada teste, utilizaram-se quatro repetições de 100 sementes, em caixas gerbox forradas com duas folhas de papel mata-borrão umedecidas com 2,5 vezes da quantidade de água ou da solução de nitrato de potássio, conforme o teste, em relação ao peso do papel (Brasil, 1992). Na primeira e na última avaliação, aos 7 e 21 dias após a montagem, contaram-se as plântulas normais e na última avaliaram-se também o número de sementes duras, não embebidas, o número de plântulas anormais e de sementes mortas (Brasil, 2009).

Foi calculada a média das duas germinações (MG) e a dormência (DMC) foi estimada pela diferença da média das duas germinações e da viabilidade em tetrazólio. Foi realizada análise de variância para os componentes de produção de sementes (massa de mil sementes, número de sementes no racemo mediano, comprimento médio dos racemos, número de racemos por inflorescência e índice de sementes cheias), viabilidade e germinação e, em caso de significância, as médias foram agrupadas por meio do teste de Scott-Knott ($p \leq 0.05$), as correlações simples

foram calculadas através da análise dos componentes principais (PCA), por meio do programa R versão 4.1.2.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Produtividade

O número médio de inflorescências por planta (IP) observado nos genótipos foi de 544, com ampla variação de 93 a 904 (Tabela 2.2). Essa quantidade é muito superior em relação ao observado em *Urochloa* híbrida (*U. brizantha* X *U. ruziziensis*) BRS Ipyporã, de 23 a 25 inflorescências, em dois experimentos testando doses de boro e épocas de aplicação (Libório et al., 2022) e também em relação ao observado em *U. brizantha* cv. Marandu em duas localidades, Planaltina - DF e Campo Grande – MS, com médias de 78 e 23 inflorescências por planta, respectivo aos dois lugares (França, 2011). A massa de sementes cheias (MSC) apresentou média de 116 g e amplitude de 16 g a 354 g, enquanto a massa de sementes cheias em porcentagem (MSC%) média foi de 73%, variando de 46% a 89%. Para braquiária híbrida BRS Ipyporã, a massa de sementes cheias estimada foi de cerca de 700 g por planta e a porcentagem de sementes cheias de 45% e 47% (Libório et al., 2022).

O número de racemos por inflorescências (NRI) diferiu significativamente entre os genótipos testados (Tabela 2.1) e o teste de Scott-Knott agrupou todos os genótipos em um único grupo, porém o teste de diferença mínima significativa (LSD) mostrou que somente o genótipo 187 com 6 cm de racemo diferiu significativamente dos outros. O valor médio observado para os 24 genótipos foi de 4,5 racemos por inflorescência, semelhante ao da cultivar de *U. ruziziensis* comumente conhecida como ruziziensis-comum, e também da BRS Integra (Souza Sobrinho et al., 2022). Esse resultado é maior que a média em *U. brizantha* cv. Marandu, de 2 racemos por inflorescências, em Planaltina - DF e 4,4 racemos por inflorescências, em Campo Grande – MS (França, 2011). Por outro lado, alguns genótipos da população avaliada apresentaram valores superiores, como a planta 187, com 6,4 racemos/inflorescência, 5,19 cm de comprimento médio

de racemo e 31,20 sementes no racemo mediano (NSRM). Além disso, essas sementes são pesadas, com cerca de 0,9 gramas de massa de mil sementes (PMS), 80% de massa de sementes cheias em porcentagem e aproximadamente 500 inflorescências por planta (Tabela 2.2), o que demonstra o potencial de produção de semente desse genótipo para futuros trabalhos de melhoramento visando esse aspecto.

O comprimento médio do racemo (CR) foi de 5 cm e variou entre 3 e 8 cm. As médias desse parâmetro foram agrupadas em dois grupos de acordo com o teste de Scott-Knott, um representado por seis genótipos e o outro por 18 genótipos e a média de cada grupo foi de 6,0cm e 4,5 cm, respectivamente. Valores semelhantes ao comprimento médio de racemo de *U. decumbens* cv. Basilisk, média de 6 cm de racemo, e diferente de *U. brizantha* cv. Marandu, com 7 cm (Reis, 2018) e de *Urochloa brizantha* B4 com comprimento médio de racemo de 8,37 cm (Benteo et al.,2016).

O número médio de sementes no racemo mediano (NSRM) foi de 32, variando de 15 a 60 sementes. Os 24 genótipos foram distribuídos em dois diferentes grupos, sendo um com média de 35 sementes composto por 14 plantas e o outro com média de 27 sementes, composto por 10 plantas. Tais resultados diferem do observado em *U. decumbens* cv. Basilisk com cerca de 38 sementes/racemo e do relatado para *U. brizantha* cv. Marandu, com 36 sementes por racemo, respectivamente. (Reis, 2018). Resultado diferente foi encontrado em *Urochloa brizantha* B4, que apresentou em média 29,8 sementes por racemos (Benteo et al., 2016). Em outro trabalho conduzido por França (2011) a cultivar *U. brizantha* cv. Marandu apresentou média de 35 sementes/racemo, em Planaltina – DF, e 54 sementes/racemo, em Campo Grande - MS.

A massa de 1000 sementes (PMS) média foi de 8,5 gramas e variou de 5,6 até 12,4 gramas. Nesse caso, os genótipos foram distribuídos em cinco grupos, o primeiro composto por apenas pelo genótipo 197 e com média de 10,2g, o segundo com 3 genótipos e média de 9,4g, o terceiro grupo abrangeu a maior parte dos genótipos, agrupou 14 genótipos e apresentou média de 8,6g, o quarto grupo com 3 genótipos e média de 7,8g e o quinto grupo também com 3 genótipos e média

de 7,2 g. Os valores do quarto e do quinto grupos se assemelham aos resultados obtidos para *U. brizantha* cv. Marandu, em duas localidades diferentes, com PMS de 7,9 g, em Planaltina - DF, e 7,4 g, em Campo Grande - MS (França, 2011). Resultado próximo foi obtido por Benteo et al. (2016), onde *U. brizantha* obteve média de PMS de 7,48g em função de diferentes doses de nitrogênio.

O percentual médio de sementes cheias (ISC) variou bastante entre os genótipos testados, de 4 a 63%, sendo a média geral de 32%. O teste de agrupamento indicou quatro grupos, o primeiro com 4 genótipos e média de 55,5% de ISC, o segundo grupo também com 4 genótipos apresentou média de 43% de ISC, o terceiro grupo com 10 genótipos e média de 29% e o último grupo com seis genótipos que apresentou média de 13%. A ocorrência de altos índices de esterilidade de espiguetas é um fenômeno comum em diversas gramíneas (Carmona et al., 1999), o que pode reduzir expressivamente o potencial de produção de sementes de espécies desse gênero. Esses resultados mostram que a característica de esterilidade de espiguetas pode ser reduzida por meio do melhoramento genético de *Urochloa ruziziensis*.

Viabilidade, germinação e dormência

A viabilidade em tetrazólio das sementes variou entre os genótipos testados entre 20% e 100%, com média de 80% (Tabela 2.4) e o teste de agrupamentos resultou em dois grupos, contendo 12 genótipos cada, com médias de 89 e 70%. Essas médias se assemelham às de viabilidade de sementes comercializadas de *Urochloa brizantha* cv. Marandu, *Urochloa brizantha* cv. Piatã, *Urochloa brizantha* cv. Xaraés, *Urochloa humidicola* cv. Tully ou comum, *Urochloa decumbens* cv. Basilisk e *Megathyrsus maximus* cv. Mombaça (Maia et al., 2021).

A germinação em temperatura constante diferiu significativamente entre os genótipos testados (Tabela 2.3) e a amplitude foi de 7% a 62%, sendo a média geral de 37% (Tabela 2.4) e, devido à baixa intensidade luminosa, as plântulas apresentaram estiolamento. Os genótipos dividiram-se em três grupos, com 13, 9 e 2 genótipos cada, sendo as médias de 43%, 32% e 16% de germinação. A germinação em temperaturas alternadas também variou significativamente entre

os genótipos, de 3% a 83%, sendo a média geral de 31%, e, nesse caso as plântulas apresentaram aspecto vigoroso e coloração verde intensa. Nesse caso, os genótipos foram distribuídos em dois grupos, um com 5 e o outro com 19 genótipos, sendo as médias de 55% e 25% de germinação, respectivamente.

A germinação média em ambos testes (MG) foi de 34%, sendo os 24 genótipos distribuídos em dois grupos, um com 8 genótipos e germinação média de 45% e o outro com 16 genótipos e média de 28%. Considerando que a viabilidade média em tetrazólio foi de 80%, em média 46% das sementes viáveis deixaram de germinar nas condições dos testes de germinação. Isso se deve provavelmente à dormência, comum em gramíneas forrageiras, que pode ser superada de forma natural no decorrer do tempo de armazenamento (Karia et al., 2006), ou por meio de escarificação química ou mecânica.

As causas de dormência de sementes de *Urochloa* incluem a restrição de trocas gasosas devido às glumas (Binotti et al., 2014), o que pode ser atenuado por meio da escarificação das sementes, e a dormência fisiológica do embrião. Neste caso, o uso de KNO_3 pode ajudar na superação, uma vez que o KNO_3 contribui na formação de NADP^+ , ocorrendo o estímulo de respiração via pentoses-fosfato e essa produção de energia ajuda na superação da dormência e no início do processo de germinação (Marcos, 2015 apud Pereira et al., 2021).

De acordo com a Instrução normativa nº 30, de 21 de maio de 2008, a porcentagem mínima de germinação para a comercialização de sementes de *Urochloa ruziziensis* é de 60% (Brasil, 2008). Dos 24 genótipos analisados, apenas o genótipo 34 atingiu esse limite mínimo, registrando uma germinação de 65% em temperatura alternada, enquanto os demais apresentaram média de germinação inferior a esse limite estabelecido pelo MAPA. Embora nem todas as sementes viáveis germinem imediatamente, a legislação brasileira vigente permite a substituição do teste de germinação pelo de tetrazólio, para fins de comercialização de sementes de gramíneas forrageiras.

Os genótipos 157 e 151 apresentaram médias de germinação sob temperaturas alternadas semelhantes à média de germinação acumulada para *U. brizantha* cv. Piatã e cv. Xaraés, cerca de

23%, em trabalho com germinação sob temperatura ambiente (Maia et al., 2021). O genótipo 180 apresentou germinação de sementes sob temperaturas alternadas semelhante a *U. decumbens* cv. Basilisk, de 52% (Maia et al., 2021), o que demonstra que entre os genótipos testados existem aqueles que se assemelham a cultivares existentes no mercado e ainda alguns que podem superá-las, como o caso do genótipo 34, com germinação média de 66%.

A média geral de sementes dormentes (DMC) de 46% foi distribuída em dois grupos, sendo 10 genótipos com 60% de sementes dormentes em média e 14 genótipos com dormência média de 36%. Pereira et al. (2021), conduziram um ensaio para verificar a quebra de dormência de *U. humidicola* utilizando doses de KNO_3 e obtiveram valores de porcentagem de sementes dormentes de 41,8% para o tratamento com as sementes embebidas em água, sem KNO_3 , e de 3,4% para o tratamento com imersão das sementes em uma solução de KNO_3 .

Não houve diferença significativa para a quantidade de sementes duras entre os genótipos em ambas condições e germinação, sendo a média geral de sementes duras entre os genótipos nos dois testes de 6% e de 3%. Esses valores são inferiores aos 29% de sementes duras observados em trabalho visando avaliar a qualidade fisiológica de sementes de quatro espécies do gênero *Urochloa* após passagem por mastigação simulada (Bolzan et al., 2019).

Os valores das correlações simples e o nível de significância entre os componentes de produção e qualidade das sementes estão representados na tabela 2.5. O número de inflorescência por planta (IP) apresentou correlação forte positiva e altamente significativa com MSC (0,71) e TZ (0,93) e correlação positiva moderada e altamente significativa com CR (0,57) e DMC (0,54). A massa de sementes cheias apresentou correlação altamente significativa, moderada a alta com CR (0,69), TZ (0,66) e o NSRM (0,52). O CR demonstrou correlação forte e positiva, altamente significativa com o NSRM (0,72). A viabilidade em tetrazólio (TZ) apresentou correlação forte positiva com DMC (0,73), moderada com CR (0,57) e nula com ISC e GTA. A germinação em temperatura constante (GTC) apresentou correlação positiva moderada e altamente significativa com MG (0,66). A dormência (DMC) apresentou correlação negativa moderada com GTA (-0,66)

e MG (-0,60). O ISC apresentou forte correlação positiva com MSC% (0,72). A correlação entre GTC e MG e também de DMC e IP, TZ, MG e GTA, embora citados, não são relevantes pelo motivo de que DMC foi estimada através da diferença dos valores entre MG e TZ e MG estimada pela média das duas germinações.

Os genótipos 197, 187, 48, 203 e 157 demonstraram as maiores médias para o índice de sementes cheias, destacando-se também entre as maiores médias em outras características. Por exemplo, o genótipo 197 também integrou o grupo 1 em variáveis como TZ, GTC, PMS, DMC e MSC%. O genótipo 187, por sua vez, figurou no grupo 1 nas variáveis NSRM, CR, GTC e NRI. O genótipo 48 destacou-se no grupo 1 em NSRM, TZ, CR, DMC e MSC%. Da mesma forma, o genótipo 203 alcançou o grupo 1 em NSRM, TZ, DMC e MSC%. Por fim, o genótipo 157 apareceu no grupo 1 apenas na variável NSRM. Esses genótipos também foram identificados nas segundas maiores médias em algumas variáveis. O genótipo 197, por exemplo, esteve no grupo 2 em características como GTA, MG, NSRM e CR. O genótipo 187 integrou o grupo 2 em GTA, PMS, MG, TZ e DMC. Da mesma forma, o genótipo 203 figurou no grupo 2 em GTA, MG e CR. O genótipo 48 destacou-se no grupo 2 em GTA, MG e GTC. Já o genótipo 157 esteve no grupo 2 em MG, CR, TZ, GTC e DMC.

Considerando o menor índice de dormência, os genótipos 40, 180, 65, 56 e 133 emergiram como os mais recomendados, também figurando nos primeiros ou segundos grupos das variáveis avaliadas. O genótipo 40 destacou-se no grupo 1 em características como MSC%, GTA, MG e GTC, assim como o genótipo 180 e o genótipo 65. Já o genótipo 133 figurou no grupo 1 em MG e GTC. Esses mesmos genótipos também foram identificados no grupo 2 das variáveis examinadas. O genótipo 40, por exemplo, posicionou-se no grupo 2 em características como ISC, NSRM e TZ. Os genótipos 180, 65, 56 e 133 estiveram exclusivamente no grupo 2 em NSRM e TZ.

Considerando a produção de sementes na população estudada, os genótipos 48, 5 e 204 apresentaram as menores médias de germinação, acompanhadas pelos maiores índices de

dormência. Além disso, o genótipo 101 revelou baixas médias para índice de sementes cheias e viabilidade, enquanto o genótipo 56 registrou menores médias de germinação e viabilidade. Esses resultados indicam a necessidade de uma análise mais detalhada sobre a pertinência da inclusão desses genótipos no ciclo de recombinação do melhoramento da população para produtividade e qualidade da forragem, pois sua presença pode influenciar negativamente a média da produtividade e qualidade das sementes na população melhorada.

Os coeficientes de variação elevados para a massa de sementes cheias (MSC), germinação sob temperatura constante (GTA) e sementes duras podem ser explicados pela considerável variabilidade entre os genótipos em relação à média dessas características. Esses resultados indicam que a ampla variabilidade fenotípica nos componentes de produtividade, viabilidade e germinação de sementes poderá possibilitar, por meio dos grupos identificados pelo teste de Scott-Knott, a seleção de genótipos superiores para características produtivas, como o índice de sementes cheias, número de sementes por racemo, viabilidade e média de germinação. Da mesma forma, essa variabilidade facilita a escolha de genótipos voltados para índices de dormência mais baixos, associados a características positivas de qualidade, como média de germinação e viabilidade.

O fato de *Urochloa ruziziensis* ser uma planta sexual, ao contrário de outras espécies comerciais do mesmo gênero, tem implicações significativas no âmbito do melhoramento genético. Em contraste com outras espécies, como Marandu (*U. brizantha* cv. Marandu), Xaraés (*U. brizantha* cv. Xaraés) e (*U. humidicola*) Humidicola, onde toda a variação entre plantas do mesmo genótipo é atribuída aos efeitos ambientais devido à apomixia (clones), em *U. ruziziensis*, a variação decorre tanto de efeitos ambientais quanto genéticos, incluindo a interação entre ambos. Portanto, é essencial estimar, em trabalhos futuros, a variância genética e, por conseguinte, a herdabilidade dessas características para avaliar o potencial de ganho por meio da seleção.

CONCLUSÃO

A análise de sementes revelou variabilidade fenotípica ampla em relação à produtividade, qualidade e dormência entre os diferentes genótipos de *Urochloa ruziziensis* avaliados. Isso possibilitou visualizar componentes distintos entre os genótipos para produção e qualidade de sementes, daqueles com maior destaque na qualidade, bem como aqueles presentes em ambos os aspectos. Há potencial para a utilização dessas variáveis como critérios para a seleção de plantas em programas de melhoramento genético da espécie. Entretanto, estudos genotípicos serão necessários para se conhecer a natureza e a amplitude da variação genética da população gerada pelo inter cruzamento entre esses parentais selecionados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BENTEO G de L, VERZIGNASSI JR, FERNANDES CD, VALLE CB do, MACEDO MCM, LIBÓRIO CB de, & MONTEIRO, L. C. Productivity and quality of *Brachiaria brizantha* B4 seeds in function of nitrogen doses. **Ciência Rural**. 2016; v.46, n. 9 1566–1571. Available from: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20151536>

BINOTTI, F.F. da S; SUEDA JUNIOR C.L; CARDOSO E. D; HAGA K.L. NOGUEIRA D.C. Tratamentos pré-germinativos em sementes de *Brachiaria*. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 9, n. 4, p. 614-618, 2014. DOI:10.5039/agraria.v9i4a2781

BOLZAN, F.G. S; DEMINICIS, B.B; VALENTE, T.N.P; LIMA, E. da S. Qualidade fisiológica de sementes de *Brachiaria* spp. após mastigação simulada, digestão ácido enzimática e fermentação *in vitro*. **Agrotrópica** v.31 (2) p131-140, 2019. DOI: 10.21757/0103-3816.2019v31n2 p131-140

BRANDÃO, R. O. B; DAVID A.M.S.S; FIGUEIREDO, J.C; OLIVEIRA, S.M. de; MACHADO, F.H.B; MARTINS, J.C. Potencialidades e limitações na produção de sementes de espécies forrageiras de clima tropical. In: MEDEIROS, Jackson Andson de; NIRO, Carolina Madazio; Medeiros, Jaelyson Max Pereira de (Org). **Produção animal e vegetal: inovações e atualidades**. Agron Food Academy, 2021. Available at: <https://agronfoodacademy.com/9786599539633-27/>. Accessed on: 23 de fevereiro de 2023.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Reforma Agrária. Teste de germinação. In: **Regras para análise de sementes**. Brasília: SNAD/DNDV/CLAV, 1992. cap.5, p.79-138.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução normativa nº 30, de 21 de maio de 2008**. Brasília, DF: Mapa, 2008. Available at: < <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/publicacoes-sementes-e-mudas/INN30de21de2008.pdf> >. Accessed on: oct. 10 2023.

BRASIL. **Regras para análise de sementes**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília: Mapa/ACS, 2009. 399 p.

CARMONA, R; MARTINS, C. R; FÁVERO, A. P; Características de sementes de gramíneas nativas do cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, p. 1066-1074, 1999. Doi.org/10.1590/S0100-204X1999000600019
<https://www.scielo.br/j/pab/a/9vQvWqp8Mnh3nh6NdKq8Hmc/>

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). 1981. **Tropical Pastures Programa anual report** 1980. Cali, Colombia. 130p. http://ciat-library.ciat.cgiar.org/articulos_ciat/annual_report/Ciat%20Report%201981.pdf

CORSI, M; SANTOS, P. M; **Potencial de produção do *Panicum maximum***. n: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 12., 1995, Piracicaba. Anais... Piracicaba: FEALQ, 1995. p.275-303.

FRANÇA, L. V. de. **Fatores ambientais na produção de sementes de híbridos interespecíficos de *Brachiaria***. 2011. 129p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Pelotas. https://guaiaca.ufpel.edu.br/bitstream/handle/123456789/1509/tese_leomara_vieira_franca.pdf;jsessionid=D469385997ABF7B8DF71F05F473431DE?sequence=1

KARIA, C. T.; DUARTE, J. B.; ARAÚJO, A. C. G. de. **Desenvolvimento de cultivares do gênero *Brachiaria* (Trin.) Griseb. no Brasil**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2006-. ISSN 1517-5111.

LIBÓRIO, CB de; VERZIGNASSI, J. R. Boron in the phytotechnical, reproductive, and seed production components of hybrid *Brachiaria* (*Brachiaria brizantha* x *Brachiaria ruziziensis*) BRS RB331 Ipyporã. **Revista de Ciências Agrárias - Amazonian Journal of Agricultural and**

Environmental Sciences, v. 65, 2022. Available at:
<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/244093/1/Boron-phytotechnical-reproductive-2022.pdf>

MAIA, L.S; BEBER P.M; NÓBREGA J.V; SOUZA M. S; SANTOS V.M; SANTOS, A.J. Valor cultural de sementes de gramíneas forrageiras comercializadas no Acre. **Revista Conexão na Amazônia**, v. 2, n. 2, p. 29-42, 2021. Available at:
<https://periodicos.ifac.edu.br/index.php/revistarca/article/view/48>.

MIQUELONI, DANIELA POPIM. **Variabilidade genética em amendoim forrageiro via modelos mistos e análise multivariada**. 2018. 161p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, Brazil.
<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/175573/1/26605.pdf>

MÜLLER, L; MANFRON P. A; MEDEIROS S.L.P; RIGÃO M.H; BANDEIRA A. H; TONETTO C.J; DOURADO-NETO D. Pearson's simple and canonical correlations between components of forage dry matter and seeds of ryegrass. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 34, p. 86-93, 2012. Available at: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222012000100011>

PEREIRA, T.S; JEROMINI, T.S; NEVES, B.R; BARROS, R.T. de; MARTINS C.C. Potassium nitrate to overcome dormancy of *Urochloa humidicola* Comum seeds. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 42, n. 3, p. 963-978, 2021. DOI: 10.5433/1679-0359.2021v42n3p963
<https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-1371138>

Reis, G. **Avaliação e seleção de acessos de *Brachiaria decumbens* para a produção de sementes**. 2018. 45p. Trabalho de conclusão de curso (Graduação) – Universidade Federal de São João del-Rei. Available at: < <https://ufsj.edu.br/portal-repositorio/File/cozoo/Tcc-%20Gabriel%20Reis.pdf> >

SIGEF, (2024) Controle de produção de sementes e mudas. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. <https://dados.agricultura.gov.br/dataset/dados-referentes-ao-controle-da-producao-de-sementes-sigef> (Acessado em fevereiro de 2024)

SOUZA SOBRINHO, F. de; AUAD, A. M.; BRIGHENTI, A. M.; GOMIDE, C. A. de M.; MARTINS, C. E.; CASTRO, C. R. T. de; PACIULLO, D. S. C.; BENITES, F. R. G.; ROCHA, W. S. D. da. **BRS Integra: nova cultivar de Urochloa ruzizensis para a ILPF**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2022. 11p. Available at: < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/232870/1/COT-93-BRS-Integra-nova-cultivar-de-Urochloa-ruzizensis-para-a-ILPF.pdf> >. Accessed on: feb. 23. 2023.

ANEXOS

Tabela 2.1. Resumo da análise de variância para os componentes de produção de sementes comparando 24 genótipos de *U. ruziziensis*

Variáveis ¹	Média	CV(%)	GL	SQ	Valor F	Significância
PMS	8,5	10,1	23	0,6685	13,377	***
NSRM	32	25,1	23	2670,7	2,309	**
CR	5	24,6	23	77,3	4,039	***
NRI	4	28,1	23	55,9	2,163	**
ISC	32	52,9	23	26896,8	16,045	***

** Significativo ao nível de 0,01% de probabilidade. *** Significativo ao nível de 0,001% de probabilidade.

1 PMS: Massa de mil sementes (g); NSRM: Número de sementes no racemo mediano; CR: Comprimento médio de racemob(cm); NRI: Número de racemos por inflorescência; ISC: índice de sementes cheias (%).

Tabela 2.2. Parâmetros de produtividade de sementes de 24 genótipos de uma população melhorada de *U. ruziziensis*.

GENÓTIPO	IP	MSC	MSC%	ISC	PMS	NSRM	CR	NRI
5	904	132,5	71	30c	7,6d	32a	5b	5a
48	869	353,6	82	50a	8,7c	38a	6a	4a
65	858	133,0	65	12d	8,4c	30b	5b	4a
43	795	129,6	67	29c	8,6c	37a	6a	4a
120	766	265,0	79	44b	8,5c	36a	5a	3a
197	648	186,2	84	63a	10,2a	28b	5b	3a
46	633	184,6	80	30c	8,6c	41a	6a	4a
40	603	100,5	81	43b	8,4c	25b	4b	4a
56	570	62,7	75	27c	9,0c	23b	4b	5a
167	556	97,1	71	22c	9,0c	33a	5b	4a
54	547	176,0	77	15d	8,0d	35a	6a	4a
45	541	79,7	69	34c	9,5b	38a	5b	5a
101	538	87,5	71	13d	8,5c	30b	5b	4a
187	532	152,0	80	57a	9,3b	31a	5a	6a
34	526	54,5	46	4d	8,3c	33a	4b	4a
195	511	52,6	68	17d	9,0c	25b	4b	3a
204	481	156,2	83	39b	6,9e	33a	5b	4a
92	475	97,4	73	28c	9,5b	30b	5b	4a
170	455	84,4	72	35c	8,7c	33a	4b	4a
180	359	92,8	72	33c	8,4c	29b	4b	5a
157	293	35,5	68	47b	7,9d	33a	5b	5a
133	283	30,1	61	16d	8,3c	23b	4b	4a
181	207	15,7	56	26c	7,3e	28b	4b	4a
203	96	23,6	89	52a	7,3e	33a	4b	3a
média	544	29,5	73	32	8,5	32	5	4
sd	205,0	78,9	9,6	16,9	0,1	7,9	1,1	1,2
cv	37,2	68,1	13,2	52,9	10,1	25,1	24,6	28,1
max-min	96--904	15,7--353,6	46--89	2--73	5,6--12,4	15--60	3--8	3--9

**Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

IP: número de inflorescências por planta; MSC: massa sementes cheias (g/planta); MSC%: % de sementes cheias (% m/m); PMS: Massa de mil sementes (g); NSRM: número de sementes no racemo mediano; CR: comprimento do racemo em centímetros (cm); NRI: número de racemos na inflorescência; ISC: índice de sementes cheias, % de espiguetas com cariopse (%).

Média: média geral; SD: desvio padrão; CV: coeficiente de variação; mínimo e máximo.

Tabela 2.3. Resumo da análise de variância de viabilidade, germinação e dormência de sementes de 24 genótipos de *U. ruzizensis*.

Variáveis ¹	Média	CV(%)	GL	SQ	Valor F	Significância
TZ	80	21,4	23	10904	2,069	*
GTC	37	32,2	23	7411,3	4,081	***
GTA	31	60,9	23	18448	3,629	***
MG	34	34,5	23	7837,6	4,850	***
DMC	46	43,5	23	16492	2,448	**

*Significativo ao nível de 5% de probabilidade. ** Significativo ao nível de 1% de probabilidade. ***

Significativo ao nível de 0,1% de probabilidade.

¹ TZ: Viabilidade em tetrazólio; GTC: Germinação em temperatura constante; GTA: Germinação em temperatura alternada; MG: média de germinação; DMC: dormência.

Tabela 2.4. Viabilidade (TZ), germinação (GTC, GTA e MG) e dormência (DMC) de sementes de 24 genótipos de uma população melhorada de *U. ruzizensis*.

GENÓTIPO	TZ	GTC	GTA	MG	DMC	SDC	SDA
120	97a	55a	32b	43a	54a	3	2
43	94a	43a	25b	34a	60a	8	3
197	92a	41a	19b	30b	62a	6	1
34	91a	37a	66a	51a	40b	5	2
195	90a	39a	34b	36b	54a	6	2
5	89a	34b	17b	25b	64a	3	6
204	89a	35b	15b	25b	64a	8	7
45	88a	38a	29b	33b	55a	0	2
48	87a	28b	17b	22b	65a	4	6
46	87a	35b	17b	26b	61a	5	3
54	85a	32b	51a	41a	44b	3	3
203	80a	18c	26b	22b	58a	15	0
180	76b	48a	52a	50a	26b	8	3
133	74b	47a	37b	42a	32b	6	4
40	73b	44a	59a	52a	22b	8	2
65	73b	42a	46a	44a	29b	6	3
170	72b	42a	19b	30b	42b	7	5
157	71b	30b	23b	26b	45b	5	7
181	71b	29b	35b	32b	39b	8	2
187	70b	40a	32b	36b	35b	7	2
101	68b	40a	24b	32b	36b	1	7
92	68b	34b	26b	30b	39b	2	4
167	68b	34b	19b	26b	42b	8	3
56	55b	14c	33b	24b	31b	12	2
média	80	37	31	34	46	6	3
sd	16,9	11,7	19,0	11,7	19,9	6,9	4,1
cv	21,4	32,2	60,9	34,5	43,5	118,3	133,5
max-min	20--100	7 -- 62	3--83	16--64	31--78	0--51	0--19

TZ: viabilidade em tetrazólio (%); GTC: germinação com temperatura constante (%); GTA: germinação com temperaturas alternadas (%); SDC: sementes duras em porcentagem na germinação com temperatura constante; SDA: sementes duras em porcentagem na germinação com temperaturas alternadas; MG: média das duas germinações; DMC: dormência das sementes, estimada pela diferença entre TZ e MG.

Média: média geral; SD: desvio padrão; CV: coeficiente de variação; mínimo e máximo.

Tabela 2.5. Correlações lineares simples, diagonal parte superior da tabela, entre componentes de produção e qualidade de sementes para genótipos de *U. ruziziensis*. Em que IP= número de inflorescências por planta, MSC= massa sementes cheias, MSC%= de sementes cheias, PMS=Massa de mil sementes, NSRM= número de sementes no racemo mediano, CR= comprimento do racemo em centímetros, NRI= número de racemos na inflorescência, ISC= índice de sementes cheias, TZ= viabilidade em tetrazólio, GTC= germinação com temperatura constante, GTA= germinação com temperaturas alternadas, MG= média das duas germinações e DMC= dormência das sementes.

	IP	MSC	MSC%	ISC	PMS	NSRM	CR	NRI	TZ	GTC	GTA	MG	DMC
IP	1.00	0,71***	0.11	-0.03	0.30	0.31	0,57**	0.02	0,93***	0,49*	0.10	0.30	0,54**
MSC		1.00	0,50*	0.37	0.20	0,52**	0,69***	-0.12	0,66***	0.30	-0.07	0.08	0,47*
MSC%			1.00	0.72***	0.09	0,19**	0,31***	-0.14	0,15***	-0.21	-0.31	-0.34	0.35
ISC				1.00	0.16	0.16	0.12	0.05	-0.01	-0.15	-0.34	-0.34	0.22
PMS					1.00	-0.07	0.13	0.04	0.30	-0.13	-0.06	-0.11	0.32
NSRM						1.00	0,72***	0.00	0.26	-0.07	0.14	0.08	0.15
CR							1.00	0.05	0,57**	0.18	0.08	0.14	0.36
NRI								1.00	0.02	0.24	-0.08	0.05	-0.01
TZ									1.00	0.36	-0.07	0.11	0,73***
GTC										1.00	0.23	0,66***	-0.16
GTA											1.00	0,88***	-0,66***
MG												1.00	-0,60**
DMC													1.00

Significativo ao nível de 5% de probabilidade (*), ao nível de 1% de probabilidade (**) e ao nível de 0,1% de probabilidade (***)



Figura 3.1. Coletores de sementes instalados no campo experimental (A) e detalhe do coletor (B).



Figura 3.2. Sementes viáveis (A) e não viáveis (B) de *U. ruziziensis* em teste de tetrazólio.