

## Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos

Kelen Cristina Basso<sup>1\*</sup>, Rosângela Maria Simeão Resende<sup>2</sup>, Cacilda Borges do Valle<sup>2</sup>, Manoel Carlos Gonçalves<sup>3</sup> e Beatriz Lempp<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, 5790, 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil. <sup>2</sup>Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil. <sup>3</sup>Departamento de Ciências Agrárias, Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, Mato Grosso do Sul, Brasil. \*Autor para correspondência. E-mail: kelenbasso@yahoo.com.br

**RESUMO.** Atualmente, a *Brachiaria brizantha* Stapf é a gramínea forrageira tropical com maior área cultivada, no Brasil, e é responsável por grande parte do mercado de sementes e pelo incremento na produtividade animal. São muitos os genótipos superiores originários do continente africano que estão contidos nos bancos de germoplasma. A seleção dos genótipos mais promissores deve ser realizada com base nos valores genotípicos preditos dos indivíduos. O procedimento-padrão para a predição de valores genéticos é o BLUP individual, usando estimativas de componentes de variância obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML) em um modelo individual. Com o objetivo de selecionar os materiais superiores para características agrônômicas, foram avaliados 218 genótipos de *B. brizantha* distribuídos em quatro campos experimentais na Embrapa Gado de Corte, em Campo Grande, Estado do Mato Grosso do Sul, e por um período mínimo de dois anos. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições e as testemunhas foram as cultivares Marandu e Xaraés. Foram estimados parâmetros genéticos para os caracteres: acúmulo de massa seca (MST), acúmulo de matéria seca foliar (MSF), matéria seca verde (MSV), porcentagem de folha (F(%)), rebrota (REB) e vigor. Concluiu-se que dois anos de medições são suficientes para seleção adotando-se um coeficiente de determinação de 80%.

**Palavras-chave:** correlação genética, gramínea tropical, herdabilidade, REML/BLUP, repetibilidade, genótipos.

**ABSTRACT.** *Brachiaria brizantha* Stapf access evaluation and estimates of genetic parameters for agronomical characters. Currently, *Brachiaria brizantha* Stapf is the tropical grass with the largest cultivated area in Brazil, being responsible for a major part of the seed market and for the increase in animal production. There are several superior genotypes available in germplasm banks, collected from the African continent and in need of evaluation. The selection of these genotypes must be based on predicted genotype values of the individuals in function of being perennial plants and of unsexed propagation. The standard procedure for the prediction of genetic values is the individual BLUP (Best Linear Unbiased Predictor), using estimates of variance components achieved by the restricted maximum likelihood (REML) on an individual model. With the aim of selecting *B. brizantha* materials superior to the commercial cultivars in relation to the agronomic traits, 218 genotypes were evaluated at four experimental fields belonging to Embrapa Gado de Corte in Campo Grande, MS, Brazil. The fields were evaluated at different times, being that field One was evaluated for three years, and the others for two years. The experimental design used was that of randomized blocks in three replications, with Marandu and Xaraés cultivars as witnesses. Genetic parameters estimated for the characters were: accumulation of dry mass (MST), accumulation of foliar dry matter (MSF), dry green matter (MSV), leaf percentage (F(%)), rebudding (REB) and vigor. It was concluded that two years of measurement are enough for selection, adopting a coefficient of determination of 80%.

**Key words:** genetic correlation, tropical forage, heritability, REML/BLUP, repeatability, genotypes..

### Introdução

Dentre as forrageiras de maior relevância para pastagens tropicais no Brasil, destaca-se o gênero *Brachiaria*. O conhecimento da variabilidade e da

divergência genética entre os genótipos e as espécies é de fundamental importância para a obtenção de sucesso no melhoramento intra e interespecífico neste gênero. A *B. brizantha* é uma das espécies mais importantes para

o sistema de produção, a cultivar Marandu é responsável por cerca de 33,7% das sementes comercializadas no país (JANK et al., 2005).

O objetivo do melhoramento genético de Braquiária, em termos gerais, é desenvolver uma variedade apomítica, produtiva e de alta qualidade, que combine persistência e adaptação a solos ácidos de baixa fertilidade, como encontrada na *B. decumbens* cv. Basilisk, com resistência à cigarrinhas-das-pastagens, verificada na *B. brizantha* cv. Marandu (MILES; VALLE, 1998; PEREIRA et al., 2005; MILES, 2007).

A eficiência do melhoramento depende do conhecimento do controle genético dos caracteres a serem melhorados. Para um caráter quantitativo, o controle genético, ou base genética, inclui todos os mecanismos genéticos responsáveis pela sua herança, tais como, herdabilidade, repetibilidade, associações genéticas com outros caracteres, interações genéticas com o ambiente, variação genética aditiva e de dominância (RESENDE, 2002a).

O coeficiente de repetibilidade é amplamente usado pelos geneticistas como medida do limite superior da herdabilidade e da eficiência da predição do valor genético a partir de sucessivas medições no indivíduo. Com base neste coeficiente, pode-se apreciar se o número de avaliações realizadas é suficiente para inferir da superioridade genotípica com determinado grau de certeza (SHIMOYA et al., 2002). Dessa forma, a repetibilidade, à semelhança da herdabilidade, constitui instrumento indispensável para orientar os trabalhos de melhoramento em espécies perenes (FERREIRA et al., 1999).

Este trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e determinar o número mínimo de medições necessárias para seleção de acessos de *B. brizantha* Stapf.

## Material e métodos

Os dados utilizados para estimar os parâmetros genéticos foram obtidos com a avaliação de 218 genótipos de *B. brizantha* para caracteres agronômicos, em quatro campos de avaliação (campos 1, 2, 3 e 4), na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, Estado do Mato Grosso do Sul, a 20°27' de latitude Sul, 54°37' de longitude Oeste e altitude de 530 m. O experimento foi conduzido sem o uso de fertilizantes, em solo do tipo LATOSSOLO VERMELHO ESCURO distrófico, ácido e de baixa fertilidade (Tabela 1), em relevo plano, com características representativas do cerrado brasileiro.

**Tabela 1.** Características físicas e químicas originais do solo na área experimental.

Areia	Silte	Argila	pH	P	M.O.	K	Ca+Mg	Al	CTC
	%			ppm	%		meq 100 cm <sup>-3</sup>		
59	8	33	4,2	1	2,7	0,05	0,1	0,9	6,9

As testemunhas foram a cultivar Marandu, para os quatro campos de avaliação, e também a cultivar Xaráes, para os campos 2 e 3. Os campos experimentais foram implantados por mudas. As parcelas lineares, com 5 m, foram constituídas de cinco plantas, com espaçamento de 1 m entre plantas e 2 m entre parcelas. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com três repetições. Como área útil da parcela, foram consideradas as três plantas centrais da linha em cada repetição.

Os cortes foram realizados a cada 42 dias, durante o período de chuvas, seguidos de um corte ao final do período seco, por dois anos consecutivos, exceto para o campo 1 em que foi por três anos. Foram avaliados seis caracteres agronômicos a cada corte realizado: acúmulo de massa seca (MST), acúmulo de matéria seca foliar (MSF) e de matéria seca verde (MSV) em kg ha<sup>-1</sup>, porcentagem de folhas (F(%)), vigor (notas de 1 (ruim) a 5 (excelente)) e rebrota (REB) (notas de 1 a 6 obtidas pela combinação de notas de densidade de rebrota em % de perfilhos rebrotados (1 a 5) e velocidade de rebrota (pouco, médio e grande crescimento em altura)). O peso verde da forragem de cada parcela a 20 cm do solo foi determinado no campo no momento do corte e uma subamostra composta foi retirada para ser pesada no laboratório e depois separada em folhas, colmos e material morto. Essas amostras foram secas por 72h a 65°C, em estufas com circulação de ar forçado. Após, obteve-se o peso seco dos componentes morfológicos e estimou-se o acúmulo de massa.

Para a análise dos dados, foi utilizado o Software SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2002b) que considera o desbalanceamento de dados, permitindo comparar indivíduos por meio de gerações e com estruturas complexas de dados, como medidas repetidas. Como cada caráter foi avaliado de seis a sete medições em cada ano, foi realizada uma análise univariada para cada corte, visando considerar a questão da heterogeneidade de variância entre cortes. Assim, foi empregado o seguinte modelo linear misto (avaliação de clones não aparentados, no delineamento em blocos ao acaso, com uma planta por parcela, uma medição por indivíduo, um só caráter):

$$y = Xb + Zg + e$$

em que:

y, b, g, e e: vetores de dados, dos efeitos de blocos

(fixos), de efeitos genotípicos de clones (aleatórios) e de erros aleatórios.

X e Z: matrizes de incidência para b e g, respectivamente.

Ocorrendo heterogeneidade, procedeu-se à transformação dos dados segundo a expressão:

$$\text{Varc} = \begin{pmatrix} S_{gi} \\ S_g \end{pmatrix} \begin{pmatrix} S_f \\ S_{fi} \end{pmatrix} (\text{Var})$$

em que:

$S_{gi}$ : desvio padrão genotípico no corte i;

$S_g$ : média dos desvios padrões genotípicos de todos os cortes de água ou de seca;

$S_f$ : média dos desvios padrões fenotípicos de todos os cortes de água ou de seca;

$S_{fi}$ : desvio padrão fenotípico no corte i;

(Var): dados originais da variável j.

Na sequência, foram realizadas análises por período de águas e secas e, depois, análises anuais para cada campo experimental, de acordo com o modelo estatístico estabelecido pelo programa (avaliação de clones não aparentados, no delineamento em blocos ao acaso, com uma planta por parcela, várias medições por indivíduo, um só caráter):

$$y = Xb + Zg + Tp + e$$

em que:

p: vetor de efeitos permanentes;

T: matriz de incidência para p. Os outros termos são como descritos anteriormente.

Nesse modelo, foi ajustado um único efeito fixo (denominado combinação bloco-medição), procedimento estatisticamente correto, bem como desejável e necessário do ponto de vista computacional (RESENDE, 2002a), sendo estimados:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}: \text{ herdabilidade individual no}$$

sentido amplo no bloco em uma dada medição.

$$r = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}: \text{ repetibilidade individual no bloco.}$$

### Repetibilidade para médias de avaliações

Cada caráter A repetibilidade para médias (ou totais) de medições (m) (seis, 12 e 18), ou seja um, dois e três anos, foi dado por:

$$\rho_{im} = \frac{m\rho_i}{1 + (m-1)\rho_i}$$

em que:

$\rho_{im}$ : repetibilidade média;

$\rho_i$ : repetibilidade individual;

m: número de medições

Por esta expressão, pode-se obter, também, a herdabilidade para a seleção baseada em seis, 12 e 18 medições:

$$h_{aim}^2 = \frac{mh_i^2}{1 + (m-1)\rho_i}$$

em que:

$h_{aim}^2$ : herdabilidade média;

$h_i^2$ : herdabilidade individual.

Para cada característica, o número mínimo de medições necessárias para predizer o valor real dos genótipos, com base em um coeficiente de determinação ( $R^2$ ) pré-estabelecido (0,70; 0,80 e 0,90), foi calculado pela expressão:

$$\eta_m = \frac{R^2(1-\rho_i)}{(1-R^2)\rho_i}$$

em que:

$\eta_m$ : número de medições;

$R^2$ : coeficiente de determinação;

$\rho_i$ : coeficiente de repetibilidade.

As correlações genéticas entre os caracteres avaliados foram estimadas empregando-se o mesmo programa computacional (RESENDE, 2002b).

### Resultados e discussão

As estimativas das correlações genéticas entre as variáveis analisadas, em seus respectivos campos experimentais, são apresentadas na Tabela 2. Verificou-se comportamento similar em termos de magnitude das correlações entre os caracteres avaliados em diferentes acessos nos quatro campos, à exceção da correlação genética entre MSF e %F que apresentou magnitude moderada nos campos 1 e 4 e baixa nos campos 2 e 3. Destaque deve ser dado à alta correlação genética evidenciada entre os caracteres MST-MSF e MSV-MSF, indicando que a alteração em um caráter, via seleção, promove alterações significativas nos outros caracteres na forma de resposta correlacionada. Essa informação é

importante na determinação dos caracteres a serem utilizados na seleção de multicaudalísticas. No caso, em função da alta correlação genética e da magnitude da herdabilidade e repetibilidade do caráter MSF, ele pode ser usado como um dos critérios de seleção, com ganhos genéticos para os outros caracteres concomitantemente.

**Tabela 2.** Estimativas de correlação genética entre os caracteres avaliados nos quatro campos experimentais.

Caráter/Campo1	Vigor	Rebrota	MST	F(%)	MSF	MSV
Vigor	1,000	0,5692	0,6915*	0,1977	0,6315*	0,6897*
Rebrota		1,000	0,3598	0,5622	0,5491	0,3816
MST			1,000	0,2211	0,8852*	0,9962*
F(%)				1,000	0,6338*	0,2615
MSF					1,000	0,9025*
MSV						1,000

  

Caráter/Campo2	Vigor	Rebrota	MST	F(%)	MSF	MSV
Vigor	1,00	0,3030	0,7282*	0,1621	0,7010*	0,6063
Rebrota		1,00	0,0278	0,7021*	0,3569	0,2647
MST			1,00	-0,0791	0,8726*	0,7123*
F(%)				1,000	0,3776	0,2093
MSF					1,00	0,7515*
MSV						1,00

  

Caráter/Campo3	Vigor	Rebrota	MST	F(%)	MSF	MSV
Vigor	1,00	0,3010	0,5676	0,4325	0,7343*	0,5868
Rebrota		1,00	-0,2629	0,6185	0,0254	-0,3003
MST			1,00	-0,1690	0,8321*	0,9826*
F(%)				1,00	0,3737	-0,1445
MSF					1,00	0,8532*
MSV						1,00

  

Caráter/Campo4	Vigor	Rebrota	MST	F(%)	MSF	MSV
Vigor	1,00	0,4593	0,6786*	0,3242	0,7274*	0,7380*
Rebrota		1,00	-0,0529	0,7775	0,5659	-0,0233
MST			1,00	-0,1461	0,6252*	0,9886*
F(%)				1,00	0,6571*	-0,0963
MSF					1,00	0,6496*
MSV						1,00

\*Características altamente correlacionadas com base na análise de *Deviance* ( $p < 0,01$ ).

A moderada correlação genética entre vigor (avaliado por meio de notas) e MST, MSF e MSV, para a maioria dos campos avaliados, indicou que a utilização do primeiro para fins de avaliação pode e deve ser aprimorada, visando aumentar essa correlação. Como se trata de um caráter de fácil mensuração, pode ser bastante útil na seleção, reduzindo custos e otimizando ganhos com seleção em função do tempo. A baixa correlação entre %F e os caracteres MST e MSF indica que o primeiro deve ser utilizado como critério de seleção multicaudalística, a fim de obter ganhos em todos os caracteres de importância econômica.

Resultados semelhantes foram encontrados por Resende et al. (2007), em trabalho realizado com híbridos de *Brachiaria* spp., no qual observaram alta correlação genética entre as variáveis MST e MSF, indicando que, ao selecionar um genótipo para qualquer uma das variáveis correlacionadas, promove-se automaticamente obtenção de ganho com seleção para a outra variável. Segundo Cedillo et al. (2008), a

correlação genética envolve associações de natureza herdável, e conseqüentemente é de grande importância para os programas de melhoramento genético.

Na Tabela 3, são apresentadas as estimativas do coeficiente de repetibilidade e herdabilidade obtidas para seis, 12 e 18 medições, ou seja, um, dois e três anos, respectivamente. A avaliação do caráter MSF por dois anos promoveu uma eficiência de 15 a 22%, para estimativa da herdabilidade, e de 8 a 15%, para repetibilidade em relação à avaliação por um ano. Maior eficiência foi evidenciada para o caráter rebrota, chegando a 39% de aumento, para estimativa de herdabilidade no período das águas (Tabela 3), e até 22%, no período da seca (Tabela 4).

**Tabela 3.** Estimativas dos coeficientes de herdabilidade ( $h_g^2$ ) e repetibilidade ( $\rho$ ) para matéria seca foliar (MSF), porcentagem de folhas (F(%)) e rebrota (REB) para seis, 12 e 18 medições em genótipos de *Brachiaria brizantha* para os quatro campos de avaliação no período das águas.

Campo	Parâmetro	MSF			F(%)			REB		
		6	12	18	6	12	18	6	12	18
1	$h_g^2$	0,64	0,78	0,84	0,80	0,89	0,92	0,51	0,68	0,76
	$\rho$	0,83	0,91	0,94	0,81	0,89	0,93	0,70	0,82	0,88
2	$h_g^2$	0,70	0,82	0,88	0,84	0,91	0,94	0,64	0,78	0,84
	$\rho$	0,84	0,91	0,94	0,85	0,92	0,94	0,78	0,88	0,91
3	$h_g^2$	0,70	0,82	0,88	0,87	0,93	0,95	0,43	0,60	0,69
	$\rho$	0,73	0,84	0,89	0,87	0,93	0,95	0,76	0,86	0,90
4	$h_g^2$	0,73	0,84	0,89	0,92	0,96	0,88	0,84	0,91	0,94
	$\rho$	0,81	0,89	0,93	0,92	0,96	0,97	0,85	0,92	0,95

Utilizando-se esse mesmo critério, baseado na eficiência do aumento do número de medições sobre a magnitude dos parâmetros, evidenciou-se que a realização de 18 medições não se justificaria. Neste caso, o incremento médio seria de apenas 5% (Tabelas 3 e 4) para 18 medições, o que não justificaria um ano a mais de avaliação. A avaliação durante dois anos seria suficiente para realização da seleção e otimizaria o ganho obtido por ciclo de seleção.

**Tabela 4.** Estimativas dos coeficientes de herdabilidade ( $h_g^2$ ) e repetibilidade ( $\rho$ ) para matéria seca foliar (MSF), porcentagem de folhas (F(%)) e rebrota (REB) para seis, 12 e 18 medições em genótipos de *Brachiaria brizantha* para os quatro campos no período da seca.

Campo	Parâmetro	MSF			F(%)			REB		
		6	12	18	6	12	18	6	12	18
1	$h_g^2$	0,70	0,82	0,88	0,82	0,90	0,93	0,63	0,77	0,84
	$\rho$	0,86	0,92	0,95	0,83	0,90	0,93	0,70	0,82	0,88
2	$h_g^2$	0,78	0,88	0,91	0,80	0,89	0,92	0,68	0,81	0,86
	$\rho$	0,85	0,92	0,94	0,81	0,89	0,93	0,81	0,89	0,93
3	$h_g^2$	0,94	0,97	0,88	0,76	0,86	0,90	0,79	0,88	0,92
	$\rho$	0,94	0,97	0,98	0,76	0,86	0,90	0,89	0,94	0,96
4	$h_g^2$	0,71	0,83	0,88	0,73	0,84	0,89	0,73	0,84	0,89
	$\rho$	0,71	0,83	0,93	0,73	0,84	0,89	0,73	0,84	0,89

Avaliando híbridos de *Panicum maximum*, Resende et al. (2004) obtiveram incremento de menos de 5% no parâmetro repetibilidade após três anos de avaliações e esse foi o critério para determinar o número máximo de anos de avaliação a ser adotado, sem comprometer o ganho por ciclo de seleção, para os genótipos avaliados.

Daher et al. (2004), em estudo com 17 clones de capim-Elefante (*Pennisetum purpureum*), observaram que o valor do coeficiente de repetibilidade para a variável produção de matéria seca em 12 medições foi de 0,37, com valor do coeficiente de determinação ( $R^2$ ) de 80%, tanto no período das águas como de seca. Esses mesmos autores obtiveram valores de  $R^2$  variando amplamente, desde 33,49%, para acúmulo de matéria seca, até 84,34%, para altura de plantas. Com base nessas estimativas, os autores concluíram que deveriam ser realizadas pelo menos nove, cinco, três e duas medições para os caracteres acúmulo de matéria seca, altura, diâmetro do colmo e número de perfilhos, respectivamente, para prever o valor real dos genótipos, com base no coeficiente de determinação preestabelecido de 80%.

Na Tabela 5, são apresentadas as estimativas do número de medições necessárias, com base em três coeficientes de determinação preestabelecidos (70, 80 e 90), para prever o valor dos genótipos para os caracteres MSF, F(%), REB e Vigor para todos os cortes avaliados.

**Tabela 5.** Estimativa do número de medições para os caracteres matéria seca foliar (MSF), porcentagem de folhas (F(%)), rebrota (REB) e Vigor de acordo com o coeficiente de determinação ( $R^2$ ), em genótipos de *Brachiaria brizantha* Stapf para os quatro campos de avaliação.

Campos	$R^2$	Caráter			
		MSF	F(%)	REB	Vigor
1	0,7	3	4	4	7
	0,8	6	7	7	13
	0,9	9	17	10	29
2	0,7	4	4	8	4
	0,8	6	7	13	7
	0,9	14	15	30	16
3	0,7	6	3	4	5
	0,8	10	5	7	9
	0,9	23	10	16	19
4	0,7	8	2	4	4
	0,8	14	4	6	7
	0,9	31	8	13	14

Com base nos resultados obtidos, pode-se inferir que, para obter um  $R^2$  de 80%, o qual é bastante adequado em programas de melhoramento de plantas, para os caracteres MSF, F(%), REB e Vigor, seriam necessários de seis a 14 cortes de avaliação. Este resultado corrobora aqueles apresentados nas

Tabelas 2 e 3, em que o critério para determinar o número de medições foi o incremento na magnitude dos parâmetros. Esses resultados são de grande importância na prática do melhoramento dessa espécie, pois um período de avaliação de menos de dois anos implica redução do ônus e também otimização do ganho com seleção em função do tempo, o que é essencial no sucesso de um programa de melhoramento.

Portanto, não justificaria a realização de três anos de avaliação para selecionar os indivíduos superiores. Pode-se inferir que dois anos de avaliação são suficientes para se obter elevada acurácia na seleção para os caracteres MSF, F(%), REB e Vigor.

### Conclusão

As estimativas de correlação genética entre os caracteres de produção avaliados em genótipos de *B. brizantha* permitem tomada de decisões sobre quais caracteres devem ser empregados na seleção multicausal.

Um período de avaliação de dois anos é suficiente para realizar seleção de genótipos superiores de *B. brizantha* adotando-se um coeficiente de determinação de 0,80.

### Referências

- CEDILLO, D. S. O.; BARROS, W. S.; FERREIRA, F. M.; DIAS, A. S.; ROCHA, R. B.; CRUZ, C. D. Correlation and repeatability in progenies of African oil palm. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 2, p. 197-201, 2008.
- DAHER, R. F.; MALDONADO, H.; PEREIRA, A. V.; AMARAL JR., A. T.; PEREIRA, M. G.; FERREIRA, C. F.; RAMOS, S. R. R.; TARDIN, F. D.; SILVA, M. P. Estimativas de parâmetros genéticos e de coeficientes de repetibilidade de caracteres forrageiros em clones de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 26, n. 4, p. 483-490, 2004.
- FERREIRA, R. P.; BOTREL, M. A.; PEREIRA, A. V.; CRUZ, C. D. Avaliação de cultivares de alfafa e estimativas de repetibilidade de caracteres forrageiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 6, p. 995-1002, 1999.
- JANK, L.; VALLE, C. B.; KARIA, C. T.; PEREIRA, A. V.; BATISTA, L. A. R.; RESENDE, R. M. S. Opções de novas cultivares de gramíneas e leguminosas forrageiras tropicais para Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, v. 26, n. 226, p. 26-35, 2005.
- MILES, J. W. Apomixis for cultivar development in tropical forage grasses. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 238-249, 2007.
- MILES, J. W.; VALLE, C. B. Manipulación de la apomixis em el mejoramiento de *Brachiaria*. In: MILES, J. W.; MAASS, B. L.; VALLE, C. B. (Ed.). **Brachiaria: biología, agronomía y mejoramiento**. 1. ed. Cali: Centro Nacional de Agricultura Tropical; Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 1998. p. 181-195.

PEREIRA, A. V.; SOUZA-SOBRINHO, F.; VALLE, C. B.; LÉDO, F. J. S.; BOTREL, M. A.; OLIVEIRA, J. S.; XAVIER, D. F. Selection of interspecific *Brachiaria* hybrids to intensify milk production on pastures. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, n. 1, p. 99-104, 2005.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN – REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. (Documentos, 77).

RESENDE, R. M. S.; RESENDE, M. D. V.; VALLE, C. B.; JANK, L.; TORRES JR, R. A. A.; CANÇADO, L. J. Selection efficiency in *Brachiaria* hybrids using *a posteriori* blocking. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, n. 3, p. 296-303, 2007.

RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B.; BONATO, A. L. V. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed models methods. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 4, p. 335-341, 2004.

SHIMOYA, A.; PEREIRA, A. V.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Repetibilidade de características forrageiras do capim elefante. **Scientia Agricola**, v. 59, n. 2, p. 227-234, 2002.

*Received on October 2, 2007.*

*Accepted on February 22, 2008.*

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.