

Notas Científicas

Contribuição dos caracteres de qualidade da forragem ao teor de proteína bruta em *Urochloa brizantha*

Francisco Eduardo Torres⁽¹⁾, Cacilda Borges do Valle⁽²⁾, Beatriz Lempp⁽³⁾, Paulo Eduardo Teodoro⁽⁴⁾, Adriano dos Santos⁽⁵⁾ e Larissa Pereira Ribeiro⁽¹⁾

⁽¹⁾Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Campus Aquidauana, Rodovia Aquidauana, Km 12, s/nº, CEP 79200-000 Aquidauana, MS, Brasil. E-mail: feduardo@uems.br, larissa.uems@gmail.com, eduteodoro@hotmail.com ⁽²⁾Embrapa Gado de Corte, Avenida Rádio Maia, nº 830, Vila Popular, CEP 79002-970 Campo Grande, MS, Brasil. E-mail: cacilda.valle@embrapa.br ⁽³⁾Universidade Federal da Grande Dourados, Rua João Rosa Góes, nº 1.761, Vila Progresso, CEP 79825-070 Dourados, MS, Brasil. E-mail: beatriz.lempp@ufgd.edu.br ⁽⁴⁾Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Geral, Avenida Peter Henry Rolfs, s/nº, Campus Universitário, CEP 36570-900 Viçosa, MG, Brasil. E-mail: eduteodoro@hotmail.com ⁽⁵⁾Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Avenida Alberto Lamego, nº 2.000, Parque Califórnia, CEP 28013-602 Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil. E-mail: adriano.agro84@yahoo.com.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi identificar quais caracteres qualitativos poderão ser usados na seleção direta e indireta de genótipos de *Urochloa brizantha*, quanto ao teor de proteína bruta. Foram avaliados nove genótipos, em delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições. Os caracteres qualitativos avaliados foram: volume de gás acumulado nas frações rápida e lenta, proteína bruta, fibras em detergentes neutro e ácido, celulose, lignina, sílica e digestibilidade in vitro da matéria orgânica. A digestibilidade in vitro da matéria orgânica é indicada tanto para a seleção direta quanto indireta de genótipos de *U. brizantha* com maior teor de proteína bruta.

Termos para indexação: análise de trilha, associação entre caracteres, melhoramento genético, teor de proteína bruta.

Forage quality trait contribution to crude protein content in *Urochloa brizantha*

Abstract – The objective of this work was to identify which qualitative characters can be used in the direct and indirect selections for high-protein content of *Urochloa brizantha* genotypes. Nine genotypes were evaluated in a randomized complete block design, with two replicates. The following qualitative traits were studied: volume of packed gas in fast and slow fractions, crude protein, acid and neutral detergent fibers, cellulose, lignin, silica, and in vitro digestibility of organic matter. The in vitro digestibility of organic matter is indicated for both direct and indirect selections of *U. brizantha* genotypes with higher crude protein content.

Index terms: path analysis, association between traits, genetic breeding, crude protein content.

Os programas de melhoramento genético de gramíneas, como a espécie *Urochloa brizantha* (Hochst. ex A. Rich) R.D. Webster (Syn. *Brachiaria brizantha*), têm trabalhado no sentido de desenvolver cultivares forrageiras que apresentem elevada produtividade, alto teor de proteína bruta e baixa estacionalidade entre o período seco e o das águas, com o objetivo de reduzir a vulnerabilidade dos sistemas de produção de gado (Pezzopane et al., 2015; Torres et al., 2015). Estes programas também têm por finalidade minimizar a necessidade de abertura de novas áreas de cultivo (Jank et al., 2014).

Um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético de *U. brizantha* é a seleção de plantas com maior teor de proteína bruta (Valle et al., 2013; Alves et al., 2014). Para que isto ocorra,

é fundamental o conhecimento das correlações entre os caracteres qualitativos, uma vez que estes podem impactar positiva ou negativamente o progresso genético. As correlações podem ser de natureza fenotípica, genotípica, ou ambiental, porém, somente as associações de natureza genética apresentam herdabilidade e podem se expressar em diferentes ambientes (Coimbra et al., 2004; Teodoro et al., 2014).

Cruz et al. (2004) enfatizam que, apesar de sua importância, as correlações não permitem identificar as relações de causa e efeito entre os caracteres. Nesse sentido, a análise de trilha permite melhor compreensão da associação de diferentes caracteres, por meio do desdobramento dos coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos sobre um caráter principal. As estimativas destes efeitos são

obtidas por equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas (Teodoro et al., 2014). Apesar de amplamente utilizada com a finalidade de melhoramento em gramíneas forrageiras como *U. ruziziensis* (R. Germ. & C.M. Evrard) Crins (Borges et al., 2011) e *Pennisetum purpureum* Schumach. (Menezes et al., 2014), esta análise ainda não foi empregada para a espécie *U. brizantha*.

O objetivo deste trabalho foi identificar quais caracteres qualitativos poderão ser usados como critérios de seleção direta e indireta de genótipos de *U. brizantha* com maior teor de proteína bruta.

O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte, em Campo Grande, MS, localizada a 20°28' S e 55°40' W, à altitude média de 520 m. O clima local, segundo a classificação de Köppen-Geiger, é do tipo tropical chuvoso e de savana, subtipo AW, caracterizado por distribuição irregular de chuvas, com períodos seco e chuvoso bem definidos. O solo da área experimental foi classificado como Latossolo Vermelho-Escuro distrófico. No período experimental, a precipitação acumulada e a temperatura média foram de 640 mm e 29,4 °C, respectivamente, no período das águas, e de 410 mm e 26,7 °C, no período seco.

Nove genótipos de *U. brizantha* (oito ecótipos – B1, B2, B3, B4, B5, B6, B8, B9 – e a cultivar 'Marandu') foram implantados em 1994, em piquetes com 1.000 m² cada, em duas repetições. Nos períodos seco e das águas, quando a forragem apresentava crescimento acumulado de 42 dias, foram amostradas dez lâminas, em três faixas transectas em cada repetição, tendo-se coletado sempre a segunda lâmina completamente expandida. Nas 30 amostras de cada genótipo, avaliaram-se por repetição em cada período, conforme metodologia preconizada por Goering & Van Soest (1970), nove caracteres qualitativos: volume de gás (mL), acumulado nas frações rápida e lenta (A e D, respectivamente); proteína bruta (PB); fibra em detergente neutro (FDN); fibra em detergente ácido (FDA); celulose (CEL); lignina em ácido sulfúrico (LIG); sílica (SIL); e digestibilidade in vitro da matéria orgânica (DIVMO).

Para verificar a variabilidade genética entre os genótipos, realizou-se a análise de variância conjunta para cada caráter, após detectar-se que a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo da análise de variância individual não excedeu a relação 7:1 (Pimentel-Gomes, 2009). Inicialmente, foram estimadas as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais (r_F , r_G e r_E , respectivamente) entre

os caracteres. As r_F foram desdobradas, por meio da análise de trilha, em efeitos diretos e indiretos, considerando-se o seguinte modelo: $Y = p_1X_1 + p_2X_2 + \dots + p_nX_n + p_eu$, em que: Y é a variável dependente principal teor de proteína bruta; X_1, X_2, \dots, X_n são as variáveis independentes explicativas; p_1, p_2, \dots, p_n são os coeficientes da análise de trilha. O coeficiente de determinação foi calculado pela expressão $R^2 = p_1^2 + p_2^2 + \dots + p_n^2 + p_e^2$.

O grau de multicolinearidade da matriz $X'X$ foi estabelecido com base em seu número de condições (NC), que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz (Montgomery et al., 2001). Se $NC < 100$, a multicolinearidade é denominada fraca e não constitui problema para a análise; se $100 \leq NC \leq 1.000$, a multicolinearidade é considerada de moderada a forte; e se $NC > 1.000$, o grau de multicolinearidade é determinado como severo. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o aplicativo Genes (Cruz, 2013).

Houve diferenças significativas entre os genótipos de *U. brizantha*, em todos os caracteres avaliados, o que permitiu inferir sobre a existência de variabilidade genética entre os genótipos (Tabela 1). Este resultado assemelha-se aos obtidos por Torres et al. (2015). Ressalta-se que essa condição é importante para a exploração pormenorizada dos dados pela análise de trilha.

As r_G apresentaram sinal igual e, na maior parte dos casos, valores superiores aos de suas correspondentes r_F , o que indica a redução da expressão fenotípica ante as influências do ambiente. Isto mostra que as estimativas de r_F são adequadas para a análise de trilha. As r_E entre os caracteres com diferenças de magnitude e sinal, em relação às respectivas correlações r_G , mostrou que o ambiente favoreceu um caráter em detrimento do outro, e que as causas de variação genética e ambiental apresentam diferentes mecanismos fisiológicos, o que dificulta a seleção indireta (Cruz et al., 2004).

Houve r_F positivas e significativas entre os caracteres PB x DIVMO, FDN x FDA, FDN x CEL, FDA x CEL, FDA x LIG e A x D. A principal causa de correlação fenotípica entre dois caracteres é o pleiotropismo, propriedade pela qual um gene condiciona simultaneamente mais de um caráter e o desequilíbrio de ligação, associação não aleatória entre alelos de diferentes locos, conforme Mode & Robinson (1959). No entanto, de acordo com estes autores, a seleção de um caractere pode acarretar uma seleção indesejável de outro.

Assim, apesar de importante, o r_F pode produzir equívocos a respeito da relação que há entre dois caracteres e pode não ser uma medida real de causa e

efeito. Um alto ou baixo coeficiente de correlação entre dois caracteres pode ser o resultado do efeito que um terceiro caráter ou um grupo de caracteres tem sobre o par e não dá a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos destes fatores (Cruz et al., 2004).

Com base no critério apresentado por Montgomery et al. (2001), a matriz das estimativas de correlações fenotípicas apresentou multicolinearidade fraca, pois o número de condição foi igual a 71. Assim, como não se detectou a multicolinearidade, foram utilizados todos os caracteres avaliados na análise de trilha (Tabela 2).

No melhoramento, é importante identificar, entre as variáveis de alta correlação com a variável básica, aquelas de maior efeito direto em sentido favorável à seleção, de tal forma que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente (Coimbra et al., 2004). Assim, observa-se que o caráter digestibilidade in vitro da matéria orgânica é o mais importante, por apresentar o maior efeito direto sobre a variável dependente principal (PB), o que sugere a presença de causa e efeito.

A celulose apresentou efeito direto positivo e alto sobre a variável dependente principal, porém, correlação positiva de baixa magnitude. Provavelmente, tal correlação foi causada pelos efeitos indiretos, sobretudo pelos caracteres lignina, digestibilidade in vitro da matéria orgânica e volume de gás acumulado na fração rápida. Segundo Coimbra et al. (2004), quando se observam efeitos diretos altos e positivos, bem como indiretos altos e negativos, a seleção indireta pode não proporcionar ganhos satisfatórios. Portanto, o emprego da seleção simultânea de caracteres é mais apropriado (Cruz et al., 2004). Ademais, isto indica que a digestibilidade in vitro da matéria orgânica é recomendada tanto para a seleção direta quanto para a indireta de genótipos de *U. brizantha* com maior teor de proteína bruta.

Apesar de o coeficiente de determinação obtido (0,81) ser maior em relação ao efeito da variável residual (0,43) e denotar um bom ajuste do modelo, na explicação dos efeitos genéticos relacionados à

Tabela 1. Correlações fenotípicas (r_F), genotípicas (r_G) e ambientais (r_E), entre os caracteres proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), celulose (CEL), lignina em ácido sulfúrico (LIG), sílica (SIL), digestibilidade in vitro da matéria orgânica (DIVMO) e volume de gás (mL) acumulado nas frações rápida e lenta (A e D, respectivamente), em nove ecótipos de *U. brizantha*, avaliados nos períodos de seca e de águas, em Campo Grande, MS.

Caractere		FDN	FDA	CEL	LIG	SIL	DIVMO	A	D
PB	r_F	-0,1946	-0,3530	0,0219	-0,3247	-0,4959	0,7347*	0,1249	-0,3285
	r_G	-0,1262	-0,2661	0,1279	-0,606	-0,5790	0,6712*	0,1822	-0,0914
	r_E	-0,3363	-0,5983	-0,4408	0,1564	-0,2420	0,8696*	0,0427	-0,8299*
FDN	r_F		0,8058*	0,8766*	0,4235	-0,4764	-0,5640	0,1525	0,6081
	r_G		0,7982*	0,9105*	0,3528	-0,5245	-0,5731	0,3481	0,8297*
	r_E		0,8495*	0,5817	0,5395	-0,3736	-0,5464	-0,1176	0,1803
FDA	r_F			0,8755*	0,7497*	0,0048	-0,7051*	-0,3774	0,2280
	r_G			0,8954*	0,8526	0,0912	-0,7216*	-0,5925	0,1483
	r_E			0,8498*	0,5867	-0,3655	-0,6815	-0,0178	0,4396
CEL	r_F				0,5245	-0,4116	-0,4142	-0,0839	0,3734
	r_G				0,5381	-0,3857	-0,4510	-0,1258	0,3667
	r_E				0,6594*	-0,5978	-0,3557	0,0051	0,4836
LIG	r_F					0,2618	-0,3318	-0,7569*	-0,0974
	r_G					0,5675	-0,5665	-0,8119*	-0,0836
	r_E					-0,5141	0,0439	0,0413	-0,1211
SIL	r_F						-0,2690	-0,6105*	-0,4756
	r_G						-0,3049	-0,8910*	-0,6357
	r_E						-0,1789	-0,0939	0,0017
DIVMO	r_F							0,0748	-0,3357
	r_G							-0,0435	-0,2451
	r_E							0,2460	-0,5139
A	r_F								0,7009*
	r_G								0,9744*
	r_E								0,3306

*Significativo, pelo teste t, a 5% de probabilidade.

Tabela 2. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), celulose (CEL), lignina em ácido sulfúrico (LIG), sílica (SIL), digestibilidade in vitro da matéria orgânica (DIVMO) e volume de gás (mL) acumulado nas frações rápida e lenta (A e D, respectivamente), sobre o teor de proteína bruta (PB) de nove ecótipos de *U. brizantha*, avaliados nos períodos de seca e de águas, em Campo Grande, MS.

Efeito	FDN	FDA	CEL	LIG	SIL	DIVMO	A	D
Direto sobre PB	0,0228	-0,0557	0,5069	-0,2261	-0,2057	0,5609	0,1755	-0,5439
Indireto via FDN	-	0,0184	0,0200	0,0096	-0,0108	-0,0128	0,0034	0,0138
Indireto via FDA	-0,0449	-	-0,0487	-0,0417	-0,0002	0,0393	0,0210	-0,0127
Indireto via CEL	0,4444	0,4438	-	0,2658	-0,2086	-0,2099	-0,0425	0,1892
Indireto via LIG	-0,0958	-0,1695	-0,1186	-	-0,0592	0,0750	0,1711	0,0220
Indireto via SIL	0,0980	-0,0009	0,0847	-0,0538	-	0,0553	0,1256	0,0978
Indireto via DIVMO	-0,3164	-0,3955	-0,2323	-0,1861	-0,1508	-	0,0419	-0,1883
Indireto via A	0,0268	-0,0662	-0,0147	-0,1328	-0,1071	0,0131	-	0,1230
Indireto via B	-0,3308	-0,1240	-0,2031	0,0529	0,2587	0,1826	-0,3812	-
Total (correlação)	-0,1946	-0,3530	0,0219	-0,3247	-0,4959	0,7347*	0,1249	-0,3285

Coeficiente de determinação = 0,81
Efeito da variável residual = 0,43

*Significativo, pelo teste t, a 5% de probabilidade.

variável dependente principal, é importante a avaliação de outros caracteres, sobretudo os agrônômicos, em razão da maior facilidade de sua mensuração.

Referências

ALVES, G.F.; FIGUEIREDO, U.J.; PANDOLFI FILHO, A.D.; BARRIOS, S.C.L.; VALLE, C.B. do. Breeding strategies for *Brachiaria* spp. to improve productivity: an ongoing project. **Tropical Grasslands**, v.2, p.1-3, 2014.

BORGES, V.; SOUZA SOBRINHO, F.; LÉDO, F.J. da S.; KOPP, M.M. Associação entre caracteres e análise de trilha na seleção de progênies de meios-irmãos de *Brachiaria ruziziensis*. **Revista Ceres**, v.58, p.765-772, 2011. DOI: 10.1590/S0034-737X2011000600013.

COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; ALMEIDA, M.L. de; SANGOI, L.; ENDER, M.; MEROTTO JÚNIOR, A. Análise de trilha dos componentes do rendimento de grãos em genótipos de canola. **Ciência Rural**, v.34, p.1421-1428, 2004. DOI: 10.1590/S0103-84782004000500015.

CRUZ, C.D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. 480p.

GOERING, H.K.; VAN SOEST, P.J. **Forage fiber analysis: apparatus, reagents, procedures and some applications**. Washington: USDA, 1970. 20p. (Agricultural handbook, 379).

JANK, L.; BARRIOS, S.C.; VALLE, C.B. do; SIMEÃO, R.M.; ALVES, G.F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v.65, p.1132-1137, 2014. DOI: 10.1071/cp13319.

MENEZES, B.R.S.; DAHER, R.F.; GRAVINA, G. de A.; AMARAL JUNIOR, A.T. do; OLIVEIRA, A.V.; SCHENEIDER, L.S.A.; SILVA, V.B. Correlações e análise de trilha em capim-elefante para fins energéticos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.9, p.465-470, 2014. DOI: 10.5039/agraria.v9i3a3877.

MODE, J.C.; ROBINSON, H.F. Pleiotropism and the genetic variance and covariance. **Biometrics**, v.15, p.518-537, 1959. DOI: 10.2307/2527650.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A.; VINING, G.G. **Introduction to linear regression analysis**. 3ed. New York: J. Wiley, 2001. 504p.

PEZZOPANE, C. de G.; SANTOS, P.M.; CRUZ, P.G. da; ALTOÉ, J.; RIBEIRO, F.A.; VALLE, C.B. do. Estresse por deficiência hídrica em genótipos de *Brachiaria brizantha*. **Ciência Rural**, v.45, p.871-876, 2015. DOI: 10.1590/0103-8478cr20130915.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15.ed. São Paulo: Fealq, 2009. 451p.

TEODORO, P.E.; SILVA JUNIOR, A.C. da; CORREA, C.C.; RIBEIRO, L.P.; OLIVEIRA, E.P. de; LIMA, M.F.; TORRES, F.E. Path analysis and correlation of two genetic classes of maize (*Zea mays* L.). **Journal of Agronomy**, v.13, p.23-28, 2014. DOI: 10.3923/ja.2014.23.28.

TORRES, F.E.; VALLE, C.B. do; LEMPP, B.; TEODORO, P.E.; RIGON, J.P.G.; RIBEIRO, L.P.; CORREA, C.C.G.; LUZ JUNIOR, R.A.A. da. Estimativa da divergência entre ecótipos de braquiária baseada em descritores quantitativos e qualitativos. **Ciência Rural**, v.45, p.485-491, 2015. DOI: 10.1590/0103-8478cr20140537.

VALLE, C.B. do; EUCLIDES, V.P.B.; MONTAGNER, D.B.; VALÉRIO, J.R.; FERNANDES, C.D.; MACEDO, M.C.M.; VERZIGNASSI, J.R.; MACHADO, L.A.Z. BRS Paiaguás: A new *Brachiaria* (*Urochloa*) cultivar for tropical pastures in Brazil. **Tropical Grasslands**, v.1, p.121-122, 2013.

Recebido em 16 de julho de 2015 e aprovado em 5 de fevereiro de 2016