

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE *Panicum maximum* PARA
CARACTERES QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS COM
BASE EM ANÁLISE MULTIVARIADA**

GRAZIELA CÁCERES CARPEJANI

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2007**

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE *Panicum maximum* PARA
CARACTERES QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS COM BASE
EM ANÁLISE MULTIVARIADA**

GRAZIELA CÁCERES CARPEJANI
Zootecnista

Orientadora: PROF^a. DR^a BEATRIZ LEMPP

Dissertação apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, para a obtenção do Título de Mestre em Agronomia

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2007**

"Tenha paciência e nunca perca ela"
(Francisco Eduardo Torres)

"Uma prece silenciosa é mais poderosa que um ato consciente; por isso, quando me sinto sem ajuda, oro sem cessar, na certeza de que uma prece nascida de um coração puro nunca deixará de ser atendida"

(Mahatma Ghandi)

A minha querida mãe **Alice Cáceres**, pelo exemplo de dignidade e pelo carinho, atenção e dedicação dispensadas. Por sempre ter uma prece amiga e por ter me acompanhado, sem nunca desanimar, em mais esta caminhada.

Ao meu pai **Carlos Carpejani**, que mesmo distante sempre se fez presente e nunca deixou de acreditar.

Aos meus irmãos **Ronaldo, Lucinha** e a minha cunhada **Liliam** pela paciência, pelo carinho e pela atenção que sempre demonstraram.

DEDICO

A querida **Irma Mikui** pela ajuda e pelo carinho incondicional dispensados e pelo respeito que tornou esse convívio tão agradável.

A "Grande Família" Gimenes (**Selmo, Marinez, Lúcio e Felipe**) pelo carinho, respeito e atenção durante todo o período de estudo.

Ao meu grande amigo **Wagner Roberto Rodrigues**, por ser sempre presente, pela alegria contagiante, pelo carinho, apoio e incentivo.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A **Deus** pela fé e esperança, e por ser a todo o momento meu refúgio e minha fortaleza. E, a **Nossa Senhora Aparecida**, a quem sempre recorri espiritualmente nos momentos mais difíceis.

A **Dr^a Beatriz Lempp** pela paciência demonstrada durante orientação. Declaro aqui toda minha admiração pela excelente profissional que demonstrou ser no decorrer do trabalho.

Ao **Dr Sérgio Raposo de Medeiros** pela amizade e confiança, pela agradável convivência que proporcionou durante a realização deste trabalho. Serei eternamente grata pelos alegres momentos, pelos conselhos e pela paciência no ensinar.

A **Dr^a Liana Jank** pela agradável convivência, pelo convívio amigo, ajuda e orientação no desenvolvimento da pesquisa.

Ao **Dr Manoel Carlos Gonçalves** pela co-orientação, paciência e ajuda nas análises estatísticas. Pela serenidade e por estar sempre pronto a ajudar.

A **Embrapa Gado de Corte** pela oportunidade de desenvolvimento da pesquisa do trabalho de dissertação.

Aos funcionários do Laboratório de Nutrição Animal da Embrapa (**Josenilto, Laucídio, Ricardo, Catarino e Sandra**) pela ajuda nas análises laboratoriais e alegre convivência.

Aos colegas de Pós- Graduação **Cinthia, Francimar, Roberto, João, Ayd, Douglas, Natanael, Heloísa Helena e Roberta**, pela agradável convivência durante o curso. Sempre terei a lembrança dos bons momentos.

As laboratoristas **Elda e Ludmila**, pela amizade e alegre convivência durante todo esse período.

Ao amigo **Francisco Eduardo Torres**, pelos breves conselhos, pela alegria cativante e pelo carinho demonstrado.

A amiga **Ana Cristina Ceolin** pela ajuda nas análises estatísticas e por me receber tão bem no seu “lar doce lar” (rss) . . . pela confiança do convívio junto a sua grande família.

Ao querido **Wagner Roberto Rodrigues** por sempre me mostrar que existe uma luz no fim do túnel, me fazendo acreditar que realmente que eu “posso mais” . . . por muitas vezes ter sido meu espelho, meu amigo e conselheiro. Mostrou-me realmente que tudo tem a sua hora e lugar . . . e o que é realmente nosso, nunca se vai para sempre!

A amiga **Renata Flores**, sempre companheira, amiga e serena!!! Comprovamos cientificamente que duas loiras juntas “não” dá certo!!!! (rss) . . . E, por tudo que passamos juntas, o almoço que dividíamos, as alegrias, as preocupações e as dificuldades. Agradeço a Deus pela alegria de poder contar com você e orgulhosamente te chamar de amiga!!!!!!

A minha grande amiga **Tatiana Parreira** pela ajuda, a adorável mesa redonda na hora do almoço e por estar sempre pronta a ouvir. Há certos momentos e atitudes na vida da gente que não tem preço!!!

Aos amigos **Gelson Difante** e **Jocilaine Garcia**, agradeço de todo meu coração pela amizade, pela divertida convivência e pelo carinho que sempre demonstraram.

As queridíssimas **Fabiana C. Reis** e **Gisele Sousa**, “grandes pequenas amigas”, que nunca medirem esforços em ajudar, aconselhar ou simplesmente ouvir. Adoro vocês e sempre serei grata pela ajuda e pela amizade desmedida.

Aos amigos **Joelson Soares**, **Valde Pereira** e **Maristela L. Soares** por terem ajudado em vários momentos e por terem me recebido tão bem em seus lares.

SUMÁRIO

ITEM	PÁGINA
LISTA DE TABELAS.....	iv
LISTA DE QUADROS	vi
LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS	viii
RESUMO.....	ix
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 <i>Panicum maximum</i>	3
2.2 A espécie <i>Panicum maximum</i> e sua variabilidade genética	5
2.3 Acúmulo de forragem.....	7
2.4 Qualidade da forragem.....	8
2.4.1 Parede Celular	8
2.4.2 Valor Nutritivo	10
2.5 Análise Multivariada	12
2.6 Medida de dissimilaridade.....	13
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	15
3.1 Tratamento e delineamento experimental	16
3.2 Avaliações morfológicas e químicas da forragem.....	16
3.3 Análises estatísticas	18
3.3.1 Análise de variância	18
3.3.2 Divergência genética	19
3.3.3 Análise de agrupamento	20
3.3.4 Análise de dispersão gráfica utilizando variáveis canônicas.....	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	24
4.1 Acúmulo de massa e composição química das lâminas foliares	24
4.2 Análise multivariada das características agronômicas da forragem.....	40
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	50
6. CONCLUSÕES	51
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52

LISTA DE TABELAS

	PÁGINA
Tabela 1. Características químicas do solo da área experimental na camada de 0 a 20 cm de profundidade	16
Tabela 2. Valores médios de dois corte de águas e um de seca para acúmulo de massa seca total (MST) em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i>	25
Tabela 3. Valores médios de massa seca verde de lâminas foliares (MSVLF) em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> , das águas e da seca	26
Tabela 4. Proporção média de lâminas foliares (%MS) de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> , das águas e da seca.....	27
Tabela 5. Proporção média de colmo e bainha (CB, % MS) de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> , das águas e da seca.....	28
Tabela 6. Teores médios de proteína bruta (PB) (% MS) de lâminas foliares de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> , das águas e da seca	30
Tabela 7. Teores médios de acúmulo de proteína na matéria seca verde de lâminas foliares ($\text{MSVLF}_{\text{PB}} - \text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> nos períodos das águas e da seca	31
Tabela 8. Teores médios de fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) de lâminas foliares de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> em três períodos de avaliação	33
Tabela 9. Teores médios de acúmulo de FDN na matéria seca verde de lâminas foliares ($\text{MSVLF}_{\text{FDN}} - \text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) dos 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> nos períodos das águas e da seca	34
Tabela 10. Teores médios de hemicelulose (HEM) e celulose (CEL) nas lâminas foliares de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> em três períodos de avaliação	35
Tabela 11. Teores médios de lignina em ácido sulfúrico (LIGs) (% MS) e lignina em permanganato de potássio (LIGp) e sílica (SIL) de lâminas foliares de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i>	36

Tabela 12. Valores médios de digestibilidade <i>in vitro</i> na matéria orgânica (DIVMO) (% MS), das lâminas foliares de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i>	38
Tabela 13. Indegradabilidade da fibra em detergente neutro (FDNi) (%MS) de lâminas foliares de 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> em três períodos de avaliação.....	39
Tabela 14. Contribuição relativa de sete caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> para o primeiro período das águas.....	42
Tabela 15. Contribuição relativa de sete caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> para o segundo período das águas	46
Tabela 16. Contribuição relativa de sete caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> para o período da seca	49

LISTA DE QUADROS

PÁGINA

- Quadro 1. Grupos com padrões de comportamento similares estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, com base em sete características avaliadas em 23 genótipos de *Panicum maximum*, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) para o primeiro período das águas.....40
- Quadro 2. Grupos com padrões de comportamento similares estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, com base em sete características avaliadas em 23 genótipos de *Panicum maximum*, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) para o segundo período das águas.....44
- Quadro 3. Grupos com padrões de comportamento similares estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, com base em sete características avaliadas em 23 genótipos de *Panicum maximum*, utilizando a distancia generalizada de Mahalanobis (D^2) para o período da seca.....47

LISTA DE FIGURAS

	PÁGINA
Figura 1. Temperaturas máximas e mínimas (°C) e, precipitação média (mm) durante o período experimental	15
Figura 2. Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> , do primeiro período de avaliação, obtidos pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis.....	41
Figura 3. Projeção das distâncias no plano (projeção gráfica bidimensional) utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D2) em 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> para o primeiro período das águas.....	43
Figura 4. Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 23 genótipos de <i>P. maximum</i> , do segundo período das águas, obtidos pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis.....	44
Figura 5. Projeção das distâncias no plano (projeção gráfica bidimensional) utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D2) em 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> para o segundo período das águas	45
Figura 6. Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 23 genótipos de <i>Panicum maximum</i> , do terceiro período de avaliação, representativo da seca, obtidos pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis	47
Figura 7. Projeção das distâncias no plano (projeção gráfica bidimensional) utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D2) em 23 genótipos de <i>P. maximum</i> para o terceiro período de avaliação.....	48

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

CB	Porcentagem de colmo e bainha
DIVMO	Digestibilidade <i>in vitro</i> da matéria orgânica
F	Porcentagem de lâminas foliares
FDA	Fibra em detergente ácido
FDN	Fibra em detergente neutro
FDNi	Indegradabilidade da fibra em detergente neutro
LIGp	Lignina em permanganato de potássio
LIGs	Lignina em ácido sulfúrico
MST	Matéria seca total
MSVCB	Matéria seca verde de colmo e bainha
MSVLF	Matéria seca verde de lâminas foliares
MSVLFd	Matéria seca verde de lâminas foliares digestível
MSVLF _{FDN}	Acúmulo de fibra em detergente neutro na matéria seca verde de lâminas foliares
MSVLF _{PB}	Acúmulo de proteína na matéria seca verde de lâminas foliares

RESUMO

O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte no período de janeiro a junho de 2006. Avaliaram-se 23 genótipos de *Panicum maximum* pré-selecionadas do programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte. O trabalho objetivou avaliar caracteres qualitativos e quantitativos dos genótipos e verificar se esses atributos e as correlações entre eles podem discriminar maior potencial qualitativo e quantitativo dos genótipos em estudo e sua divergência genética com base nas análises multivariadas. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com três repetições, com parcelas de 12m². Realizaram-se três cortes, dois referentes ao período das águas e um ao período da seca, para a estimativa do acúmulo de massa e composição química das lâminas foliares dos 23 genótipos de *P. maximum*. Avaliou-se caracteres agronômicos e caracteres indicativos de qualidade de lâminas foliares. Para a divergência genética entre os genótipos estudados empregou-se o método de agrupamento de Tocher e do Vizinho mais Próximo, com base na distância generalizada de Mahalanobis e Análise por dispersão gráfica de variáveis canônicas. Para cada caráter estudado utilizou-se o teste de agrupamento de médias Scott-Knott e todas as análises foram realizadas utilizando-se o aplicativo computacional GENES. Para o acúmulo de MSVLF, proporção de LF e CB, acúmulo de PB na MSVLF.ha⁻¹ ocorreu interação significativa entre genótipo x ambiente. A cv. Massai apresentou atributos quantitativos desejáveis destacando-se dos demais genótipos e, os genótipos de maior potencial quantitativo foram PM30, PM31, PM34, PM40, PM41, PM45 e PM47. Os genótipos PM43 e PM47 apresentaram maiores indicativos de qualidade de forragem. Das características avaliadas, os caracteres agronômicos permitiram uma maior discriminação entre os genótipos. A análise de dissimilaridade genética proposta permitiu identificar a variabilidade existente entre os genótipos confirmando a potencialidade do uso dos caracteres agronômicos que junto com técnicas da genética quantitativa, contribui para o desenvolvimento de novas cultivares.

Palavras-chaves: seleção, características agronômicas, composição química, identificação de dissimilaridade, métodos de agrupamento

ABSTRACT

The experiment was lead in the Embrapa Beef Cattle in the period of the January of June 2006. Were evaluated 23 genotypes of *Panicum maximum* had been pre-selected of the program of improvement of the species in the Embrapa Beef Cattle and that they integrate II the National Net of Evaluation. The work objective was to evaluate qualitative characters and quantitative of the genotypes and to verify if these attributes and the correlations between them they can discriminate qualitative and quantitative potential greater of the forage species in study and its genetic divergence. The used experimental delineation was of randomized complete block with three repetitions, with parcels of 24m². Three cuts had been become fulfilled, two referring to the period of waters and one to the period of dries, for the estimate of the accumulation of mass and chemical composition of the leaf blades of the 23 genotypes of *P. maximum*. Evaluated agronomics characters and indicative characters of quality of blades. For the genetic divergence between the studied genotypes the method of grouping the Tocher and the Hierarchical single linkage, on the basis of in the distance generalized of Mahalanobis and analysis for graphical dispersion of canonic variable. For each studied character the test of grouping of Scott-Knott averages was used and all the analyses had been carried through using applicative computational the GENES. For the accumulation of MSVLF, ratio of LF and CB, accumulation of PB in the MSVLF.ha⁻¹ occurred significant interaction between genotype x environment. The cv. Massai presented desirable quantitative attributes being distinguished of the too much genotype and, the genotypes of quantitative potential greater had been PM30, PM31, PM34, PM40, PM41, PM45 and PM47. Genotypes PM43 and PM47 had presented indicative of quality forage. Of the evaluated characteristics, they had been the agronomics characters that had allowed a bigger discrimination between the genotypes. The analysis of genetic dissimilarities proposal allowed to identify the existing variability between the genotypes confirming the potentiality of the use of the agronomics characters that together with techniques of the quantitative genetics, contributes for the development of new cultivates.

Key-words: selection, agronomics characters, genetic divergence, multivariate analysis.

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, os sistemas de produção de bovinos são caracterizados pela utilização de gramíneas forrageiras como a fonte principal de alimentos para os rebanhos. Por esses sistemas de produção apresentarem pouco planejamento e controle, têm como consequência baixa eficiência em termos de produtividade e geralmente são compostos por forragens de baixa qualidade.

O valor nutritivo da forragem é diferente para as diversas espécies e para os componentes morfológicos da planta e, como estas características morfológicas se relacionam com o consumo, os estudos que caracterizam as gramíneas em termos de composição química e digestibilidade são relevantes na avaliação de pastagens, pois auxiliam na indicação quanto à necessidade de suplementação, em determinadas épocas, para algumas categorias animais. Ainda, o estudo do valor nutritivo da forragem contribui para a identificação dos possíveis pontos que restringem o consumo de nutrientes e, conseqüentemente, a produção animal (Mertens, 1994).

Das pastagens implantadas com *Panicum maximum*, a cv. Colômbio já foi o capim mais utilizada para engorda de bovinos, apresentando área expressiva cultivada no Brasil. Entretanto, sua baixa adaptabilidade a solos de baixa fertilidade e a sua baixa tolerância à seca, fez com que ele fosse substituído por outras gramíneas, menos produtivas, porém mais adaptadas a estas condições.

Dessa forma também aumentou o interesse pela utilização de outros cultivares de *P. maximum*, principalmente os cultivares Tobiata, Tanzânia e Mombaça, que são adaptados aos solos de média e alta fertilidade ou apresentam maior facilidade de manejo, ou ainda respondem melhor a fertilização do que a cv. Colômbio (Euclides & Euclides Filho, 1997).

A ampla diversidade morfológica e fenológica encontrada neste gênero, sua ótima adaptação às condições tropicais e o bom desempenho animal obtido sob pastejo durante o período mais quente do ano motivou a realização de diversos trabalhos de pesquisa e o lançamento de novas cultivares a partir de 1982, como Tobiata pelo ORSTOM (Institut Français de Recherche Scientifique pour Développement en Cooperation) na Costa do Marfim e pelo IAC (Instituto Agrônomo de Campinas) no Brasil, Centenário e Centauro pelo IAC; IZ-1 e Aruana pelo IZ (Instituto de Zootecnia); Vencedor pelo Centro de Pesquisa Agropecuária do Cerrado (CPAC); Tanzânia pelo

CNPGC (Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte); Mombaça pelo CNPGC e IAPAR (Instituto Agrônômico do Paraná) e Massai (CNPGC).

Entretanto, tendo em vista a grande variação edafoclimática das regiões produtivas do Brasil, a variabilidade genética das espécies forrageiras disponíveis e a busca por materiais cada vez mais adaptados, produtivos e de boa qualidade, é de suma importância o estudo do desempenho de forrageiras na nutrição animal (Rodrigues et al., 2004).

As pesquisas têm buscado selecionar genótipos de *P. maximum* com menor estacionalidade, o que tem sido difícil. O *P. maximum*, por apresentar alta adaptabilidade e grande potencial em produzir matéria seca por unidade de área, apresenta um maior interesse de identificação de novas progênies, mais adaptadas a um determinado ambiente (Jank, 1995).

Objetivou-se neste estudo avaliar o acúmulo de massa, a composição química e a fração indigestível da fibra em detergente neutro da lâmina foliar de 23 genótipos de *Panicum maximum*, para verificar se esses atributos e as correlações entre eles podem discriminar os genótipos de maior potencial qualitativo e quantitativo e sua divergência genética.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 *Panicum maximum*

O gênero *Panicum* possui mais de 1.460 espécies, que se encontram distribuídas pela África, América Central e do Sul, norte da Austrália, Índia, sudeste da Ásia e Ilhas do Pacífico (Rocha, 1991).

A espécie *P. maximum* tem sua origem na África do Leste sendo encontradas formas nativas até na África do Sul, apresentando-se como uma espécie pioneira ocupando o solo recém-desmatado e em pastagens sob sombra de árvores; porém é na região leste africana que se encontra a maior diversidade da espécie (Jank, 1995).

O programa de desenvolvimento de novas cultivares de *P. maximum* no Brasil, pela Embrapa Gado de Corte, iniciou-se com a importação de uma coleção de 426 acessos apomíticos e 411 plantas sexuais por um acordo entre a Embrapa e o IRD (Institute de Recherche pour le Developpment – antigo ORSTOM) em 1982. Trabalhos básicos já haviam sido realizados na Costa do Marfim com este germoplasma e as avaliações agrônômicas iniciaram em 1984 em Campo Grande, MS (Embrapa Gado de Corte, 2001). Essas avaliações permitiram a liberação das cultivares Tanzânia-1 em 1990, a cv. Mombaça em 1993 e a cv. Massai em 2001.

As cultivares lançadas tiveram grande aceitação comercial por técnicos e produtores por apresentarem elevado potencial de produção e qualidade da forragem, chegando a superar as espécies de *Brachiaria*. Segundo Savidan et al.(1990); Jank et al. (1994) e Jank (1995), a cv. Tanzânia chega a produzir três vezes mais que a cv. Colômbia na seca. Sua produção anual foi de 33 ton/ha⁻¹ de matéria seca, com 80% de folhas, e 18% e 9% de proteína bruta (PB) nas folhas e colmos, respectivamente.

As gramíneas da espécie *P. maximum* exigem solos de média à alta fertilidade para uma boa produção de forragem e o Brasil é um país que apresenta grande diversidade de tipos de solos quanto a sua fertilidade natural causando assim, uma grande influência na produção de forragem (Alcântara, et al., 1993; Quadros, et al., 2002). Vieira & Kichel (1995) observaram baixa persistência do *P. maximum* em solos ácidos e pobres em bases (Ca, Mg, K), fósforo e enxofre, entre outros e com elevados teores de hidrogênio e de alumínio trocável. Segundo Herling et al. (2000), a espécie *P.*

maximum quando submetida à adubação correta pode alcançar produções acima de 50 t/ha⁻¹.

Alta produção de forragem talvez seja a característica mais difícil de se conseguir e de se avaliar, pois além do potencial genético da espécie, dependem de numerosos fatores ambientais como fertilidade do solo, regime de chuvas e o tipo de manejo (Martins & Vello, 1994).

A elevada taxa de crescimento das gramíneas da espécie *P. maximum* semelhantes à de outras gramíneas tropicais, permite altas taxas de lotação. Por outro lado, a produção animal individual, que reflete o valor nutritivo da forragem, é baixa, indicando que essas gramíneas não fornecem os nutrientes necessários para a produção máxima ao longo do ano. Assim, novilhos nessas pastagens chegam a produzir bons ganhos durante a estação de crescimento, comprovando que o declínio do valor nutritivo da gramínea está associado à maturidade da mesma, o que resultaria em ganhos médios diários anuais baixos (Euclides, 1995).

Ademais, o comportamento das gramíneas tropicais é estacional com maior taxas de crescimento no período de maior precipitação e temperaturas médias mínimas acima de 25-30 °C (Pedreira & Mattos, 1981) e não existe uma espécie capaz de permanecer com alta produção durante o período seco. Entretanto, é necessário desenvolver novas opções forrageiras que venham a apresentar melhores distribuições estacionais, em termos qualitativos e quantitativos.

Para maximizar a produção animal em pastejo, medidas de manejo de pastagem eficientes devem ser adotadas. Para tanto, faz-se necessário o conhecimento das características de produção e nutricionais do capim para então ser explorado (Euclides, 1995).

2.2 A espécie *Panicum maximum* e sua variabilidade genética

Nos programas de melhoramento genético de gramíneas da espécie *Panicum maximum* que foram descritos por Jank (1995), ressalta-se a importância de se conhecer o modo de reprodução da espécie ou espécies em questão a fim de garantir a utilização da metodologia mais adequada.

Segundo Warmke (1954); Combes (1975) e Savidan (1982) citados por Jank (1995), o modo reprodutivo de *P. maximum* é a da apomixia, como da maioria das gramíneas forrageiras tropicais. A apomixia é uma reprodução vegetativa por meio de sementes, uma vez que o embrião não é resultante da fusão de gametas. Nesta espécie, como em outras gramíneas forrageiras tropicais apomíticas, a apomixia é geralmente a combinação de uma aposporia seguida de uma partenogênese.

Diversas foram às introduções no Brasil de material genético de *Panicum maximum*, alguns trazidos da África, como é o caso da cultivar Aruana (Instituto de Zootecnia, 1979), outros desenvolvidos por outros países como as cultivares Gatton e Hamil lançadas na Austrália (Jank, 1995) e a Tobiatã, lançada pelo ORSTOM na costa do Marfim e em seguida pelo IAC no Brasil (Usberti Filho, 1992). Além disso, em 1982 o convênio firmado entre a Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) e o ORSTOM (Jank, 1990), detentor da mais ampla coleção da espécie, favoreceram grandes avanços no melhoramento genético da espécie *P. maximum*, colocando-a em evidência.

A notável adaptação dessas plantas aos tipos de solos e ao clima brasileiros aliados a rápida substituição de áreas de florestas da América Tropical por áreas de agricultura (Persons, 1972), favoreceram a ampla disseminação desta espécie pelo Brasil. Além disso, atributos como elevada taxa de crescimento, capacidade de suportar períodos de seca e a boa qualidade da forragem produzida chamou a atenção de pecuaristas, que passaram a implantar grandes áreas de pastagens com esta espécie a partir da segunda metade do século XX (Aronovich, 1995).

Faltam estudos aprofundados sobre as diferenças morfológicas, as quais foram enfatizadas por Jank (1995), e fisiológicas entre os materiais lançados, e o impacto que essas diferenças têm na eficiência de utilização de recursos do meio e, em última instância em produtividade, o que impedem que avanços direcionados no melhoramento genético da espécie ocorram.

Assim, a avaliação de novos genótipos para lançamento de cultivares já existentes podem resultar em informações que auxiliem no melhoramento de espécies permitindo estimativas de resultados a serem alcançados em sistemas de produção baseados em pastagens.

2.3 Acúmulo de forragem

O acúmulo de forragem em pastagens é resultado de interações complexas advindas da combinação dos atributos genéticos de uma dada espécie e o efeito do ambiente sobre características morfofisiológicas para a determinação da produtividade (Silva & Pedreira, 1997).

A estacionalidade da produção nas espécies de *Panicum* parece ser característica limitante. Jank (1994), avaliando a cv. Tanzânia sob cortes manuais em parcelas encontrou estacionalidade na produção de 11% do total anual na seca. O capim - Tanzânia chegou a produzir 60% mais que o capim – Colômbio e 15% a menos que a cultivar Tobiata, apresentando 80% de folhas durante o ano, produzindo 26 t ha⁻¹ por ano de matéria seca foliar, sendo superior ao capim – colômbio e semelhante a cultivar Tobiata.

Cecato et al. (1996), observaram acentuada estacionalidade de produção ao avaliar os capins Tanzânia e Mombaça com intervalos de corte a cada 35 dias no verão e 70 dias no inverno. O acúmulo de massa, no verão, foi de 7,2 e 7,4 t/ha⁻¹ de MS e, no inverno, 2,5 e 2,7 t/ha⁻¹ de MS, respectivamente.

Santos et al. (1999), estudando diferentes períodos de descanso (28, 38 e 48 dias) sobre a massa de forragem e taxa de acúmulo de MS nas cultivares Tanzânia e Mombaça, encontraram maior acúmulo de forragem para o maior período de descanso, mas, identificaram diferenças no acúmulo de MS entre as duas cultivares. Maiores taxas de acúmulo de MS foram registrados para a cv. Mombaça, mostrando que a cultivar produziu cerca de 30% a mais que a cv. Tanzânia.

Na avaliação de acúmulo de massa seca das cultivares Aruana, Centenário, Colômbio, Mombaça, Tanzânia e Tobiata, e dos acessos K249 e o KK8 de *P. maximum* Jacq., sob duas alturas de corte, 20 e 40cm, Cecato et al. (2000) constataram que as cultivares Mombaça, Centenário, Tanzânia, Tobiata, e o acesso KK8, apresentaram maior acúmulo de massa seca total e de lâminas foliares nos períodos das chuvas e da seca, e nas duas alturas de corte. O capim – mombaça naquelas condições, apresentou produção de 21,1 e 5,2 t ha⁻¹ de MS no corte a 20 cm de altura nos períodos chuvoso e seco, respectivamente.

2.4 Valor nutritivo e qualidade da forragem

2.4.2 Valor nutritivo

O valor nutritivo da forragem pode ser avaliado pela sua digestibilidade e seus teores de proteína bruta e de parede celular, características intimamente correlacionadas com o consumo de matéria seca (Mertens, 1994). O conceito do termo “valor nutritivo” refere-se à composição química da forragem e sua digestibilidade. A qualidade de uma planta forrageira é representada pela associação da composição bromatológica, da digestibilidade e do consumo voluntário (Mott, 1970).

O valor nutritivo de uma forragem é determinado por sua composição, estando diretamente associado a sua maturidade (Van Soest, 1995). Além da idade, outros fatores como época de corte, adubação, temperatura, solo, umidade e luz, bem como a interação destes fatores, estão diretamente associados a variações na sua composição. As plantas utilizam a energia solar para a fixação do carbono dentro de suas estruturas, e a distribuição deste carbono, bem como a energia fixada dentro da planta são amplamente afetadas por fatores externos do ambiente.

O valor nutritivo da forragem pode ser obtido pelo corte de amostras de plantas, em número representativo da forragem total, observando-se que existem diferenças entre o valor nutritivo de partes das plantas e, principalmente, entre diferentes estádios de crescimento. O declínio na qualidade da forragem com a maturidade da planta resulta, principalmente, do decréscimo na relação folha/haste e na qualidade da haste (Nelson & Moser, 1994). Entre as gramíneas o teor de parede celular e da lignina se elevam nas folhas e nas hastes sendo a taxa de declínio de valor nutritivo maior para as hastes do que para as folhas (Minson & Wilson, 1994).

Os métodos tradicionais utilizados para estimar o valor nutritivo da forragem incluem a determinação dos teores de parede celular ou seus componentes, da proteína bruta e as estimativas da digestibilidade (Paterson et al., 1994).

Van Soest (1995) citou que o teor de FDN das forragens é negativamente correlacionado com o seu consumo. Forragens com menor fração fibrosa refletem maior digestibilidade e maior consumo.

Para gramíneas do gênero *Panicum*, os valores de parede celular inferiores a 55% são raramente observados, superiores a 55% são comuns em rebrotas e, em estádios avançados de maturação, situam-se entre 75 e 80% (Euclides, 1995).

Tão importante quanto à estimativa do valor nutritivo das forragens, é o conhecimento de como utilizá-lo num processo de produção animal conduzido principalmente a pasto. Levando-se em consideração as exigências nutricionais dos animais no que diz respeito à energia, proteína, minerais e vitaminas para as diferentes funções, e a disponibilidade e o valor nutritivo das forragens (energia, proteína, FDA, FDN, minerais e vitaminas, bem como o consumo e digestibilidade da matéria seca) pode-se estabelecer com grande acurácia a necessidade ou não de suplementação alimentar para alcançar alta produtividade, assim como definir qual o nutriente que realmente está limitando a produção e deve ser fornecido, de modo a obter bom desempenho animal, mantendo o custo de produção em níveis compatíveis com a realidade econômica.

Por outro lado, alimentos de composição química semelhante também podem ser diferentes nutricionalmente entre si em função de diferenças no consumo voluntário, na digestibilidade e/ou na eficiência de utilização dos nutrientes após sua absorção, dada pela natureza dos produtos de digestão.

Devido a essa estreita relação entre consumo voluntário, digestibilidade e eficiência de utilização dos nutrientes com a composição química dos alimentos, pode-se caracterizar a qualidade da forragem a partir destas medições, considerando que a composição química será utilizada apenas para estimar os demais fatores e, por sua vez, o valor nutritivo.

2.4.1 Parede Celular

As forrageiras de clima tropical, em relação às de espécies de clima temperado, são caracterizadas por apresentarem baixos teores de carboidratos solúveis e pela elevada proporção de parede celular, conseqüentemente de carboidratos estruturais. O elevado teor de parede celular das gramíneas está associado a aspectos de natureza anatômica das espécies em razão da alta proporção de tecido vascular característico das plantas C₄ (Van Soest, 1995).

Carboidratos é o composto mais abundante do mundo em função de ser componente estrutural das plantas. Em geral, constituem de 50 a 80% da matéria seca dos volumosos e grãos. Seu valor nutritivo depende de sua composição em açúcares e de suas ligações com compostos fenólicos. Os carboidratos podem ser divididos em estruturais (celulose, hemicelulose, pectina) e não estruturais (amido, açúcares,

galactosanas e beta glucanas). A disponibilidade nutricional dos carboidratos depende da capacidade dos animais em quebrar as ligações glicosídicas nos diferentes carboidratos e outras substâncias (Van Soest, 1995).

A fibra é formada pelos componentes da parede celular (PC) e pode ser estimada pela análise de fibra em detergente neutro (FDN). O método proposto por Van Soest em 1967, que consiste no fracionamento dos componentes fibrosos, possibilitou maior acurácia na estimativa do valor nutritivo das forrageiras e, desde então, as análises de FDN e fibra em detergente ácido (FDA) passaram a ser rotina freqüente em laboratórios de análises de alimentos para ruminantes (Berchielli, 2001).

A FDN é constituída basicamente de celulose, hemicelulose e lignina, e a FDA é constituído principalmente de lignina e celulose, daí estar mais associada com a indigestibilidade dos alimentos. Enquanto a FDN relacionada com a ingestão, tempo de retenção e passagem do alimento no sistema digestivo dos ruminantes (Rocha, 2001). Todavia, segundo os próprios idealizadores do sistema detergente, o FDA não é uma fração válida para uso nutricional ou predição de digestibilidade. É uma análise preparatória para determinação de celulose, lignina, nitrogênio (N) ligado a FDA e cinza insolúvel em detergente ácido (Medeiros, 2002). Assim, a fração que melhor representaria a fibra dos alimentos seria a FDN, podendo ser usada para qualquer modelo nutricional por representar biologicamente a fibra.

As análises dos teores de fibra são usadas para estabelecer limites máximos de ingredientes nas rações e para informações sobre as especificações dos alimentos. Também são usadas para avaliar a qualidade de um alimento e para refinar as recomendações de ração para ruminantes. A fibra é um termo meramente nutricional o qual é definido pelo método usado para isolá-la (Mertens, 1992).

O valor nutritivo da forrageira é determinado pela sua composição química, principalmente pelos teores de proteína bruta e fibra em detergente ácido (FDA), responsáveis diretos pela digestibilidade da matéria seca (Euclides et al., 1995). A lignina exerce grande influência sobre a taxa de degradação e a degradabilidade efetiva da parede celular dos alimentos volumosos (Van Soest, 1995), sendo um fator determinante do teor de energia digestível das plantas forrageiras. A FDN tem grande efeito sobre a ingestão voluntária de alimentos fornecidos aos ruminantes (Mertens, 1994).

Variações nas taxas de digestão e passagem da fibra de forragens pelo rúmen altera o valor de enchimento (“fill”) das dietas e afetam a atividade de

mastigação. Quando o valor de enchimento das dietas aumenta devido às flutuações na composição e, ou, digestibilidade da fibra, os receptores de pressão encontrados no rúmen são estimulados e enviam sinais ao cérebro, indicando ser necessário aumentar a atividade de ruminação (Lima, 2003).

Segundo Sousa et al. (2002), a digestão da fibra no ambiente ruminal pode ser afetada pelo teor de proteína da dieta, principalmente quando baseadas em forragens de baixa qualidade, uma vez que a deficiência de proteína limitaria a atividade ruminal afetando, assim, a ingestão e a digestibilidade dos nutrientes.

2.5 Análise multivariada

Em estudos de divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados. Dentre estes, citam-se as análises por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados são obtidos (Cruz e Regazzi, 1997).

Para dados biológicos de variáveis correlacionadas, informações providas por análises univariadas isoladas podem ser incompletas, sendo nestes casos, de grande interesse o uso de multivariada (Carneiro et al., 2002).

O conhecimento de diferenças em constituições genéticas tem sido de grande importância para qualquer programa de melhoramento. Esta importância está associada à necessidade de identificar genótipos com diferenças genéticas que possam produzir progênies com maior heterose, aumentando, assim, a probabilidade na obtenção de indivíduos superiores (Cruz e Regazzi, 1997).

Conforme Cruz e Regazzi (1997), a predição de divergência genética pode ser feita utilizando-se a técnica de variáveis canônicas. Esta se baseia na transformação de um conjunto original de variáveis em variáveis padronizadas e não correlacionadas, porém, mantendo a característica do princípio do processo de conglomeração com base na distância de Mahalanobis (D^2) e de levar em consideração tanto a matriz de (co)variâncias residuais, quanto à de (co)variâncias fenotípicas das características avaliadas. Esse novo conjunto de variáveis, em ordem de estimação, retém o máximo de informação em termos de variação total.

As variáveis canônicas, como os componentes principais, são combinações lineares de variáveis e possuem propriedades bastante semelhantes em termos de variância, tais como: a independência entre as variáveis canônicas e a hierarquia de variância acumulada nas primeiras em relação às subseqüentes. Entretanto, em uma análise de variável canônica, as combinações lineares das variáveis originais são determinadas de tal forma que as diferenças entre grupos são maximizadas, levando-se em consideração a variação dentro dos grupos.

Nas análises de divergência genética espera-se que a configuração da distribuição dos grupos possa ser adequadamente representada em espaço bi ou tridimensional, definida pelos dois ou três primeiros vetores canônicos.

Tanto, mais informações a respeito do objeto de estudo estão disponíveis, quanto mais características forem avaliadas. Assim, quanto maior for o número de características envolvidas em análise multivariada, maior será a dimensão das matrizes a serem trabalhadas.

2.6 Medidas de Dissimilaridade

Medidas de dissimilaridade genética, como forma de caracterizar e identificar constituições genéticas distintas de diferentes espécies tem despertado o interesse de vários autores (Santos et al., 1997). Entre as medidas de dissimilaridade que podem demonstrar a intensidade de variabilidade genética, as distâncias Euclidiana e de Mahalanobis são as mais utilizadas por melhoristas em programas de melhoramento genético de plantas. A análise multivariada pode ser empregada também como uma poderosa ferramenta para estimar a dissimilaridade genética com o objetivo de auxiliar na escolha de constituições genéticas superiores.

Outra técnica importante, no estudo de dissimilaridade genética, é a análise de agrupamento que, segundo Cruz e Regazzi (1997), tem por finalidade reunir e classificar os genótipos em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos formados. Ou seja, as técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade entre os genótipos, e a segunda etapa envolve a adoção de uma técnica de agrupamento para formação dos grupos.

Os métodos de agrupamento mais utilizados em programas de melhoramento genéticos de plantas têm sido os hierárquicos e os de otimização.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendograma e, nos de otimização, é realizada a partição do conjunto de genótipos em subgrupos mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de uma medida pré-estabelecida (Cruz e Regazzi, 1997).

Para o agrupamento dos genótipos pode ser empregado o método hierárquico do vizinho mais próximo na formação dos dendogramas, que consiste em identificar na matriz de dissimilaridade os genótipos mais similares, formando um

grupo inicial e, a partir deste grupo, estimar as distâncias em relação aos demais genótipos.

No estudo da dissimilaridade genética entre genótipos é possível estimar a importância relativa de cada caráter avaliado quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos, realizada pela análise dos coeficientes das transformações lineares para a obtenção das variáveis canônicas, conforme Cruz (1990), e por meio da partição dos componentes D_2 , relativos a cada caráter, no total da dissimilaridade genética observada, de acordo com a recomendação de Singh (1981).

3. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido nas dependências da Embrapa Gado de Corte, localizada em Campo Grande - MS, no período de janeiro a junho de 2006. O padrão climático da região foi discutido segundo Köppen, na faixa de transição entre Cfa e Aw tropical úmido. A área experimental está localizada a 20°26'48'' latitude Sul e 54°43'19'' longitude Oeste, com altitude média de 560,03 m, estimados pelo Marco RN 258 – CNPq. A temperatura máxima e mínima, e a precipitação no período experimental estão apresentadas na Figura 1.

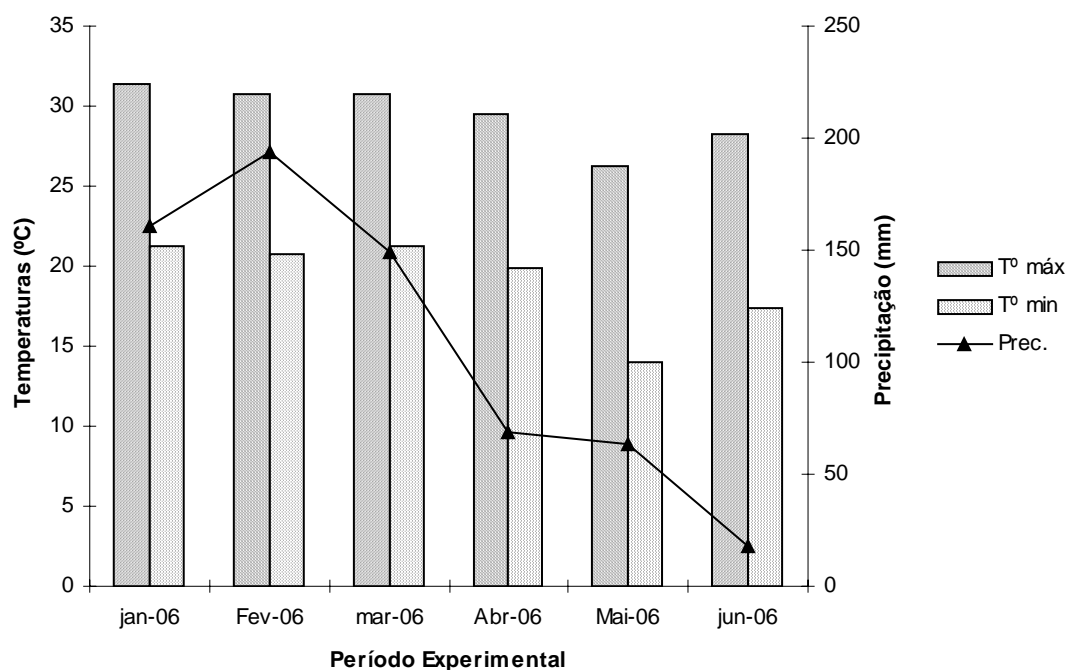


Figura 1 – Temperaturas máximas e mínimas (°C) e, precipitação média (mm) durante o período experimental

Na área experimental (2.400m²), havia sido implantada com *Brachiaria* spp., a massa de forragem foi queimada em junho de 2002 e gradeada duas vezes com grade pesada e uma com grade niveladora. A semeadura dos genótipos ocorreu em 07 de novembro de 2002, na qual se utilizou 3,3 kg de sementes puras viáveis/ha (SPV). Foram utilizados 0,067g por metro linear, ou 60 SPV por metro linear.

O solo da área experimental é classificado como um Latossolo Vermelho Escuro de textura argilosa, com 40-45% de argila. Os resultados da análise química do solo estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Características químicas do solo da área experimental na camada de 0 a 20 cm de profundidade

0-20 cm	pH	Ca ⁺⁺	Mg ⁺⁺	K ⁺	Al ³⁺	H+Al	S	T	V	m	MO	Pme*	Pres**	K	
	CaCl ₂	cmol/dm ³							%	G/dm ³	Mg/dm ³				
	4,20	0,84	0,12	0,08	1,87	9,51	1,05	10,56	10,3	63,8	4,73	4,92	5,80	32,5	

* Pres = fósforo extraído com resina;

** Pme = fósforo extraído com duplo ácido.

3.1 Tratamento e delineamento experimental

Avaliaram-se 23 genótipos de *P. maximum* (PM30, PM31, PM32, PM33, PM34, PM35, PM36, PM37, PM38, PM39, PM40, PM41, PM42, PM43, PM44, PM45, PM46, PM47 e as cultivares Aruana, Massai, Milênio, Mombaça e Tanzânia) que foram pré-selecionados no programa de melhoramento da espécie na Embrapa Gado de Corte e que integram a II Rede Nacional de Avaliação. Destes, quatro são híbridos desenvolvidos pelo cruzamento entre acessos da coleção, e cinco são cultivares.

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com três repetições, com parcelas de 12 m².

Durante o período experimental realizaram-se três cortes para a estimativa do acúmulo de massa e composição química das lâminas foliares dos 23 genótipos de *P. maximum*, dois cortes foram referentes ao período das águas e ocorreram em 07/03/2006 e 12/04/2006, e a coleta referente ao período da seca ocorreu em 09/06/2006.

3.2 Avaliações morfológicas e químicas da forragem

Foi feito um corte de uniformização, 20 cm acima do solo, em toda área experimental e após 35 dias fez-se a amostragem da forragem em área útil de 2 m², também a 20 cm do solo. Após o corte da forragem de cada parcela, as forragens coletadas foram pesadas e destas retiradas uma amostra para separação dos componentes morfológicos: lâmina foliar, pseudocolmo (colmo mais bainha) e material morto.

Os componentes morfológicos foram separados no Laboratório de Apoio Técnico nas dependências da Embrapa Gado de Corte e posteriormente submetidos à secagem em estufa de ar forçado a 65°C por aproximadamente 72 horas, até atingirem peso constante. A partir dos pesos secos dos componentes morfológicos estimou-se o teor de matéria seca e a proporção de cada um dos componentes da forragem. Estimou-se o acúmulo de massa seca total (MST), a massa seca verde de lâminas foliares (MSVLF), porcentagem de folha (F, %MS), porcentagem de colmo e bainha (CB, %MS). Logo após a secagem, as amostras foram moídas em peneira de 1mm.

As amostras de lâminas foliares do período das águas e da seca foram submetidas às análises de matéria orgânica (MO), proteína bruta (PB) (AOAC,1990); fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e lignina em ácido sulfúrico (LIGs) (Van Soest et al., 1991); lignina permanganato de potássio (LIGper) (Van Soest & Wine, 1968), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) (Tilley & Terry, 1963), celulose e sílica, utilizando-se o procedimento do aparelho NIRS (Near Infrared Reflectance Spectroscopy), de acordo com os procedimentos de Marten et al., (1985).

A estimativa da porção indigestível da fibra em detergente neutro (FDNi) das lâminas foliares, fez-se por meio da análise da FDN do resíduo da degradabilidade *in situ*. Utilizou-se dois animais mestiços, dotados de cânula ruminal, pesando aproximadamente 450kg, os quais foram submetidos a uma dieta de feno de *Brachiaria* a vontade e farelo de soja (500g), durante 15 dias de adaptação.

Uma amostra composta dos três períodos de avaliação, com cinco gramas de cada amostra das lâminas foliares dos 23 genótipos de *P. maximum*, foram incubadas em duplicata no rúmen de dois animais, em sacos de nylon, de 15x10/cm de dimensão, com porosidade de 52 µm. Os tempos de incubação foram de 144 e 288 horas. Depois de retirados do rúmen, estes, foram mergulhados em água gelada e lavados, em máquina de lavar, por quatro ciclos de 45 minutos cada, e posteriormente secos em estufa a 65°C por 72 horas. A degradabilidade *in situ* foi realizada segundo a metodologia descrita por Orskov et al.(1980) e as análises de MS e FDN seguiram a metodologia descrita pela AOAC (1990) e a de Van Soest et al., (1991), respectivamente.

3.3 Análises estatísticas

Todos os dados foram submetidos à análise de variância conjunta e análise de variância univariada separadamente e, à análise multivariada (Distância generalizada de Mahalanobis, método do Vizinho mais Próximo, método de otimização de Tocher) utilizando-se o aplicativo computacional GENES (2006).

3.3.1 Análise de variância

Os dados de composição química e acúmulo de massa das lâminas foliares dos 23 genótipos de *P. maximum* foram preliminarmente submetidos à análise de variância, a fim de se avaliar a variabilidade genética entre os genótipos, considerando o delineamento de blocos casualizados, conforme Cruz (2006). O modelo estatístico utilizado para a análise de variância univariada foi:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}, \text{ onde:}$$

Y_{ij} : valor observado, no genótipo “i” no bloco “j”;

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo “i” que foi aplicado na parcela;

b_j : efeito do bloco “j” em que se encontra a parcela;

ε_{ij} : efeito residual associado à observação Y_{ij} .

O modelo estatístico da análise conjunta dos dados foi:

$$Y_{ijk} = \mu + b_k + g_i + a_j + g_{aij} + \varepsilon_{ijk}, \text{ onde:}$$

Y_{ijk} : valor observado no k-ésimo bloco, avaliado no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente;

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo “i” que foi aplicado na parcela;

a_j : efeito do ambiente “j” em que se encontra a parcela;

g_{aij} : efeito da interação entre o genótipo “i” e o ambiente “j”;

ε_{ijk} : efeito residual associado a observação Y_{ijk}

Para cada caráter estudado utilizou-se o teste de agrupamento de médias Scott-Knott (1974), para verificar diferenças entre as médias obtidas para os genótipos. As análises foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES (2006).

3.3.2 Divergência genética

Na avaliação da divergência genética entre os genótipos de *P. maximum* estudados empregou-se o método de agrupamento de Tocher e do Vizinho mais Próximo, com base na distância generalizada de Mahalanobis e Análise por dispersão gráfica de variáveis canônicas.

Os genótipos foram dispostos em grupos e em gráficos bidimensionais, utilizando-se como eixo representativo a primeira e a segunda variáveis canônicas ou a primeira e a terceira variáveis canônicas, conforme Cruz e Carneiro (2003).

A distância generalizada de Mahalanobis (Mahalanobis, 1936), denominada D^2 , foi estimada por:

$$D^2 = \sum_{j=1}^m \sum_{j'=1}^m w_{jj'} d_j d_{j'}; \text{ onde:}$$

m : número de caracteres;

$w_{jj'}$: elemento da j -ésima linha e j' -ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais entre os genótipos;

d : diferença entre as médias do j -ésimo caráter nos indivíduos considerados.

Assim a estatística D^2 em notação de matrizes é definida por:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta, \text{ onde:}$$

δ' = vetor – linha $[d_1, d_2, \dots, d_j]$, sendo $d_j = X_{ij} - X_{ij'}$, para cada j ;

ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais entre variáveis originais;

$$\delta = \text{vetor – coluna} \begin{bmatrix} d_1 \\ d_2 \\ \vdots \\ d_j \end{bmatrix}, \text{ sendo } d_j = X_{ij} - X_{ij'}, \text{ para cada } j.$$

Segundo Cruz & Regazzi (1997), a distância generalizada de Mahalanobis pode ser estimada a partir das variáveis transformadas, sendo neste caso expressa de maneira análoga ao quadro da distancia euclidiana, ou seja:

$$D_{ii'}^2 = \delta' I \delta = \delta' I \delta = \sum_j (Z_{ij} - Z_{i'j})^2, \text{ onde:}$$

$$Z_{ij} = \frac{1}{r} \sum_r Z_{ijk} : \text{ media do i-ésimo genótipo em relação a j-ésima variável,}$$

com variância residual igual a um;

I: matriz identidade (n x n) que expressa a matriz de dispersão entre a variáveis transformadas;

$$\delta' : [d_1, d_2, \dots, d_n]$$

$d_j = Z_{ij} - Z_{i'j}$: diferença entre os genótipos i e i' em relação a j-ésima variável.

3.3.3 Análise de agrupamento

Empregou-se o método de otimização de Tocher que utiliza o critério em que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (Cruz e Regazzi, 1997).

Para ser identificado o par de genótipos mais similar, o método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade. Esses genótipos formaram o grupo inicial e a partir daí avaliaram-se a possibilidade de inclusão de novos genótipos, adotando-se o critério anteriormente citado.

Com a entrada de um genótipo em um grupo, sempre aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. A inclusão deste genótipo no grupo será permitida se o acréscimo no valor da distância média intragrupo não ultrapassar um valor máximo permitido. Esse valor máximo pode ser arbitrariamente estabelecido ou corresponder ao valor máximo de D^2 , obtido no conjunto de menores distâncias envolvendo cada par de indivíduos.

O método hierárquico do Vizinho mais Próximo tem sido amplamente utilizado no melhoramento genético (Cruz e Carneiro, 2003). Neste caso o agrupamento foi estabelecido por um dendograma, formado pelos genótipos com maior

similaridade, sendo a distância entre um indivíduo k em um grupo formado pelos indivíduos i e j dada por:

$$d_{(ij)k} = \min \{d_{ik}; d_{jk}\}$$

onde $d_{(ij)k}$ é dado pelo menor elemento do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k).

A distância entre dois grupos, por sua vez, foi dada por:

$$d_{(ij)(kl)} = \min \{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\},$$

ou seja, a distância entre dois grupos formados pelos indivíduos (i e j) e (k e l), respectivamente, é dada pelo menor elemento do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos (i e k), (i e l), (j e k) e (j e l).

3.3.4 Análise de dispersão gráfica utilizando variáveis canônicas

A utilização conjugada de métodos de dispersão gráfica e os de agrupamento tem sido a alternativa mais adequada em estudos de diversidade genética (Cruz e Carneiro, 2003).

A técnica de variáveis canônicas permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações originalmente contidas em um grupo de n variáveis em poucas variáveis que apresentam as propriedades de reterem o máximo de variação originalmente disponível e serem independentes entre si.

A partir dos dados experimentais, com informações de repetições se obtêm as médias e a matriz de dispersão (matriz de variâncias e co-variâncias) residual entre os dados (Cruz e Carneiro, 2003).

Para a realização da análise, as médias originais dos caracteres são transformadas por um processo de condensação pivotal, originando novas variáveis, que se caracterizam por apresentarem covariâncias residuais nulas e variâncias residuais iguais a 1 (Cruz e Regazzi, 1997).

Denotando-se as matrizes de covariâncias entre médias, matriz T , e a dispersão residual, matriz E , verifica-se que após a condensação pivotal as variáveis

transformadas apresentam matriz de co-variância entre as médias dadas por T^* e matriz de co-variância residual iguais à matriz identidade ($E^*=1$).

A transformação é obtida por meio de $Z' = VX$, em que:

Z: matriz $g \times v$ de médias transformadas de g genótipos em relação aos v caracteres;

X: matriz $g \times v$ de médias originais;

V: matriz $v \times v$ de transformação, obtida pelo processo de condensação Pivotal.

As estimativas dos autovalores, que medem a variância de cada variável canônica, são obtidas por meio de:

$$\det(T^* - I\lambda) = 0, \text{ que equivale aos autovalores de } \det(E^{-1}T^* - I\lambda) = 0.$$

As estimativas dos autovetores associados às variáveis transformadas por condensação pivotal são obtidas por meio de:

$$(T^* - I\lambda)\alpha = \phi$$

Neste caso α representa o autovetor cujos elementos são coeficientes de ponderação das variáveis obtidas por condensação pivotal.

Para avaliar a contribuição de cada característica para uma determinada variável canônica, estimam-se os coeficientes de ponderação associados às variáveis originais. Estes coeficientes constituem o autovetor \mathbf{a} , que pode ser obtido de α ou a partir do sistema:

$$(E^{-1} T^* - I\lambda)\mathbf{a} = \phi$$

Para a dispersão gráfica é indiferente considerar uma combinação linear de variáveis transformadas (por condensação pivotal) ou a combinação linear das características originais, pois os escores obtidos serão os mesmos.

Desta forma considera-se que:

$$\begin{aligned}
 VC_1 &= \alpha_{11}Z_1 + \alpha_{12}Z_2 + \dots + \alpha_{1v}Z_v = \alpha_{11}X_1 + \alpha_{12}X_2 + \dots + \alpha_{1v}X_v \\
 &\cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \\
 &\cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \\
 &\cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \quad \cdot \\
 VC_n &= \alpha_{n1}Z_1 + \alpha_{n2}Z_2 + \dots + \alpha_{nv}Z_v = \alpha_{n1}X_1 + \alpha_{n2}X_2 + \dots + \alpha_{nv}X_v
 \end{aligned}$$

em VC_1, VC_2, \dots, VC_n , tem-se:

$\sum \alpha^2 = 1$, para cada $j' = 1, 2, \dots, n$, e $\sum \alpha_{jj'} \alpha_{jj''} = 0$ para qualquer par j' e j'' de variáveis canônicas. Uma vez estimados os coeficientes $\alpha_{jj'}$, os coeficientes $\alpha_{jj''}$, associados às variáveis originais, podem ser calculados por meio de:

$$[a_{j1} \ a_{j2} \ \dots \ a_{jv}] = [\alpha_{j1} \ \alpha_{j2} \ \dots \ \alpha_{jv}]v$$

A importância relativa das características pode ser quantificada por intermédio das variáveis canônicas.

Para tanto, os coeficientes a_j s devem ser multiplicados pelo desvio-padrão do erro experimental, de modo que:

$$\Theta_j X_j = a_j \sigma_j [X_j / \sigma_j]$$

Logo:

$$\Theta_j = a_j \sigma_j (\sigma_j = \text{desvio-padrão residual})$$

Portanto, os valores de Θ medem a importância relativa de uma característica em cada variável canônica.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Acúmulo de massa e composição química das lâminas foliares

Os dados referentes ao acúmulo de massa durante o período das águas e da seca são apresentados nas Tabelas 2 e 3. Para acúmulo de massa seca total (MST, kg de MS.ha⁻¹) não ocorreu interação significativa entre genótipo x ambiente (P = 0,0770). Para o acúmulo de massa, média das três avaliações, pelo teste de agrupamento de médias Skott – Knott, ocorreu à formação de quatro grupos de genótipos apresentando em média 1.622,4; 1.001,25; 708,8 e 317,0 kg.ha⁻¹ respectivamente.

Segundo Silva e Pedreira (1997), o acúmulo de massa seca em plantas forrageiras é resultante de interações complexas entre atributos genéticos e de ambiente sobre os processos fisiológicos e características morfológicas na determinação da produtividade. E, que apesar de 90% do peso seco das plantas serem oriundos da assimilação de CO₂ via fotossíntese, não parece haver limitações à produção devido a taxas fotossintéticas. O que ocorre mais provavelmente é que outras variáveis fisiológicas e de ambiente, tais como déficit hídrico e relações fonte – dreno, impõem limites à produção e a produtividade.

Nas condições experimentais, de baixa fertilidade do solo (Tabela 1), a cv. Massai apresentou maior acúmulo de MST. Já os genótipos PM43 e a cv. Aruana apresentaram o menor acúmulo de massa com média de 389,3 e 244,7 kg.ha⁻¹. Os genótipos PM30, PM41, PM37, cv. Milênio, PM46 e PM31 também se destacaram quanto ao acúmulo de massa permanecendo agrupados no segundo grupo, apresentando em média 1001,2 kg.ha⁻¹.

Tabela 2 – Valores médios de dois corte de águas e um de seca para acúmulo de massa seca total (MST) em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, de 23 genótipos de *Panicum maximum*

MST ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$)	
Genótipos	Médias*
Massai	1.622,4a
PM30	1.174,4b
PM41	1.038,6b
PM37	1.010,5b
Milênio	942,2b
PM46	927,6b
PM31	914,2b
PM44	868,2c
Mombaça	850,3c
PM38	820,4c
PM36	797,3c
PM35	784,8c
PM32	784,7c
PM47	721,8c
PM42	712,9c
PM45	710,6c
PM33	680,3c
PM40	656,9c
Tanzânia – 1	639,1c
PM34	611,7c
PM39	583,9c
PM43	389,3d
Aruana	244,7d
CV = 22,01%	

* Médias seguidas de mesma letra na mesma coluna não diferem entre si 5% de probabilidade, pelo teste de agrupamento de médias Scott-Knott

Ocorreu interação significativa entre genótipo x ambiente ($P = 0,0127$), para acúmulo de matéria seca verde de lâmina foliar (MSVLF, $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). No primeiro período das águas houve a formação de dois grupos apresentando em média 953,7 e 563,1 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, respectivamente. No segundo período ocorreu a formação de quatro grupos em que apenas a cv. Massai permaneceu no primeiro grupo apresentando com o acúmulo de 1797,1 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Durante o período da seca os valores médios de acúmulo de MSVLF não apresentaram diferença significativa, por meio da análise de variância univariada, resultando assim na formação de apenas um grupo com média de 380,2 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (Tabela 3).

O baixo acúmulo de MSVLF no período da seca está relacionada às condições climáticas experimentais ocorridas, onde a precipitação pluviométrica apresentou-se bem abaixo do ocorrido nos períodos anteriores, conforme a Figura 1. Ressalta-se que, para o acúmulo de MSVLF relaciona-se MSV pela porcentagem de

folha, o que possivelmente pode explicar a interação significativa que ocorreu entre os períodos de avaliação.

Observou-se também que, a cv. Aruana apresentou o mais baixo acúmulo de MSVLF, o que já foi relatado por Batistoti (2006) que estudando 18 dos 23 genótipos que são apresentados neste trabalho, atribuiu esse baixo acúmulo de lâminas à maior proporção de colmo na forragem.

Tabela 3 – Valores médios de massa seca verde de lâminas foliares (MSVLF) em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, de 23 genótipos de *Panicum maximum*, das águas e da seca

MSVLF ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$)					
Águas 1		Águas 2		Seca	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
Massai	1373,9a	Massai	1797,1a	PM30	781,9a
PM37	1176,3a	PM31	1096,8b	PM44	581,7a
PM41	968,6a	PM41	1075,0b	Massai	575,8a
PM38	963,4a	PM30	1074,9b	PM46	505,6a
Mombaça	949,3a	PM32	1026,4b	Tanzânia – 1	496,5a
PM46	875,3a	PM37	973,7b	PM41	487,6a
PM30	870,3a	Milênio	968,4b	PM31	432,5a
Milênio	864,2a	PM46	852,4c	PM42	427,3a
PM35	846,5a	PM44	828,2c	Mombaça	396,2a
PM36	820,4a	PM36	808,1c	PM36	393,4a
PM45	782,1a	Mombaça	805,1c	PM32	382,4a
PM40	701,2b	PM47	763,9c	PM35	360,6a
PM47	697,7b	PM42	763,7c	PM45	347,3a
PM33	677,1b	PM33	754,2c	PM47	328,4a
PM31	654,7b	PM45	746,5c	Milênio	308,9a
PM44	629,5b	PM35	740,7c	PM33	308,9a
PM34	618,8b	PM39	713,1c	PM37	305,4a
PM42	581,1b	PM40	675,3c	PM40	304,7a
PM32	560,8b	Tanzânia – 1	633,4c	PM38	295,8a
PM39	542,8b	PM38	617,9c	PM34	285,2a
PM43	529,1b	PM34	606,6c	PM39	207,8a
Tanzânia – 1	420,9b	PM43	172,6d	PM43	150,8a
Aruana	144,0b	Aruana	159,6d	Aruana	80,2a
CV = 30,79%		CV = 29,64%		CV = 46,67%	

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

Considerando, a fração foliar, que é a porção mais nutritiva da forragem e a mais presente na dieta do animal, observou-se que para a proporção de folhas (%MS) ocorreu interação significativa entre genótipo x ambiente ($P = 0,0040$), indicando a variabilidade genética dentre os materiais, o que pode possibilitar uma maior pressão de seleção dos genótipos, para cada época do ano.

No primeiro período das águas ocorreu a formação de dois grupos em que, a exceção da cv. Aruana, os demais genótipos apresentaram-se no primeiro grupo em

média com 85,7% de lâminas e a cv. Aruana com 40,8% de lâminas (%MS). Nota-se que durante o período experimental houve uma leve redução nas proporções da fração foliar no primeiro período das águas em relação ao segundo. E, uma redução mais acentuada no período da seca para a maior parte dos genótipos a exceção do genótipo PM32 que apresentou elevada proporção de lâminas com 84,9%, neste período com relação ao período anterior (Tabela 4).

As cvs. Aruana, Massai e Milênio apresentaram-se agrupados entre as menores médias nos três períodos de avaliação para proporção de lâminas foliares e, apresentaram um maior acúmulo de CB conforme observado na Tabela 5.

Tabela 4 – Proporção média de lâminas foliares (% MS) de 23 genótipos de *Panicum maximum*, das águas e da seca

Folha (% MS)					
Águas 1		Águas 2		Seca	
Genótipo	Médias *	Genótipo	Médias *	Genótipo	Médias *
PM31	95,6a	PM33	94,8a	PM32	84,9a
PM39	90,8a	PM45	94,4a	Mombaça	80,9a
PM42	90,3a	PM40	91,9a	PM47	79,2a
PM36	90,1a	PM34	91,8a	PM45	77,9a
PM44	89,9a	Tanzânia – 1	88,2a	PM36	73,8a
PM45	88,8a	PM35	87,7a	PM40	73,8a
PM37	88,7a	PM39	87,7a	PM42	72,8a
PM33	87,3a	PM41	87,7a	PM37	72,6a
PM35	87,1a	PM42	87,7a	Tanzânia – 1	72,6a
PM41	86,5a	Mombaça	86,9a	PM46	71,6a
PM30	86,5a	PM47	86,7a	PM30	70,5a
Mombaça	86,0a	PM36	84,2b	PM33	69,7a
PM40	85,9a	PM32	83,6b	PM44	69,5a
PM46	85,4a	Milênio	82,9b	PM34	68,9a
PM38	84,8a	PM46	82,6b	PM43	66,9a
Massai	84,4a	Massai	81,9b	PM35	66,2a
PM34	84,3a	PM31	81,2b	PM38	66,2a
PM32	83,5a	PM43	81,1b	PM41	65,8a
Tanzânia – 1	81,4a	PM30	78,9b	PM31	63,8a
PM47	81,3a	PM44	77,3b	PM39	63,5a
Milênio	77,2a	PM37	76,1b	Milênio	57,3a
PM43	70,4a	PM38	71,2b	Massai	55,7a
Aruana	40,8b	Aruana	72,3b	Aruana	50,7a
CV = 7,94%		CV = 7,91%		CV = 16,33%	

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

A proporção de colmo e bainha (CB, %MS) apresentada na Tabela 5 acompanharam inversamente a proporção de folha (Tabela 4). Houve interação significativa entre genótipo x ambiente ($P = 0,0001$) para CB (%MS) nos três períodos de avaliação, e a exceção da cv. Milênio os demais genótipos apresentaram uma

diminuição nas porcentagens de CB do segundo para o terceiro período de avaliação. Do primeiro para o segundo período de avaliação 12 genótipos apresentaram-se agrupados dentro das maiores médias, ocasionando a formação de dois grupos no segundo período, em média 18,3 e 8,9 % CB (%MS). Maior contribuição de hastes é uma característica que contribui para queda na qualidade da forragem.

No primeiro período das águas ocorreu maior discriminação dos genótipos quanto à proporção de CB em relação ao segundo período das águas. Porém, a proporção de lâminas (%MS) foi semelhante para 22 genótipos, à exceção da cv. Aruana. Nos dois períodos das águas a cv. Aruana apresentou alta proporção de CB, o que pode indicar que esta cultivar apresenta arquitetura das lâminas foliares decumbentes.

Tabela 5 – Proporção média de colmo e bainha (CB, % MS) de 23 genótipos de *Panicum maximum*, das águas e da seca

CB (% MS)					
Águas 1		Águas 2		Seca	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
Aruana	35,9a	PM38	22,8a	Milênio	35,5a
PM43	27,8b	PM37	22,7a	PM30	16,7b
Milênio	19,8c	Aruana	22,6a	PM32	15,0b
PM47	18,7c	PM30	19,7a	PM38	12,4b
Tanzânia – 1	16,6c	PM43	18,9a	Aruana	11,3b
PM32	16,4c	PM44	17,7a	PM35	10,2b
PM38	15,2c	Milênio	17,1a	Massai	9,3b
PM34	14,9c	Massai	16,9a	Tanzânia – 1	9,1b
PM46	14,6c	PM32	16,3a	PM42	8,6b
Mombaça	14,0c	PM36	15,7a	PM33	6,8c
PM30	13,5c	PM46	14,7a	PM46	6,7c
PM41	13,4c	PM31	14,4a	PM31	6,2c
PM35	12,9c	PM35	12,3b	PM43	5,9c
PM33	12,7c	PM41	11,8b	PM40	5,6c
PM37	11,3c	Mombaça	10,4b	PM36	5,1c
PM40	10,9d	PM47	10,4b	PM47	4,7c
PM36	9,4d	PM39	10,1b	PM44	4,1c
PM42	7,5d	PM42	9,4b	PM34	3,9c
Massai	7,2d	PM34	8,2b	PM41	3,8c
PM44	7,1d	Tanzânia – 1	7,7b	PM37	3,0c
PM45	6,4d	PM40	6,5b	PM39	2,7c
PM39	5,3d	PM45	5,5b	Mombaça	2,4c
PM31	4,4d	PM33	5,2b	PM45	1,9c
CV = 29,57%		CV = 37,23%		CV = 46,67%	

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

O desenvolvimento das hastes favorece o aumento da produção de matéria seca, no entanto pode ter efeitos negativos sobre o aproveitamento e a qualidade da forragem produzida. Parsons et al. (1988) ressaltam a importância de se controlar a

produção de hastes no pasto alegando que a sua presença pode reduzir a eficiência do sistema em duas formas: limitando a capacidade de colheita da forragem pelo animal ou reduzindo seu valor alimentar.

A interação entre genótipo x ambiente foi significativa ($P = 0,0001$) para o teor de proteína bruta (PB, %MS). O agrupamento de médias para o teor de PB no primeiro período das águas, apresentou a formação de dois grupos. Sendo que 14 genótipos apresentaram em média 12,4% de PB (%MS) e os outros nove com 10,9%, diferença esta de 11,68% a menos para o segundo grupo formado. No segundo período de avaliação, ocorreu a princípio, maior discriminação entre os genótipos quanto aos teores de PB, sendo observados cinco grupos que apresentaram em média 14,6; 12,8; 11,9; 10,5 e 9,1% PB (Tabela 6).

A precipitação ocorrida durante o período experimental foi 45,9% menor no segundo em relação ao primeiro período de avaliação (Figura 1), ainda assim 15 dos 23 genótipos avaliados apresentaram teores de PB superiores aos encontrados durante o primeiro período. Enquanto que, no terceiro período não houve superioridade dos teores de PB com relação aos dois períodos de águas. Neste, observou-se à formação de três grupos, apresentando em média 12,0; 10,3 e 8,3% de PB. Houve ainda, no terceiro período, uma diminuição nos valores de PB, sendo estes, semelhantes aos teores apresentados no primeiro período de avaliação (Tabela 6).

Estes resultados, certamente foram afetados pela idade avançada dos genótipos aliada as condições climáticas do período experimental (Figura 1). Os diferentes teores de PB encontrados indicam existir diferenças no valor nutritivo dos genótipos, possibilitando a seleção dos melhores, garantindo oferta de forragem de boa qualidade aos animais quando em regime de pastejo.

Nas condições experimentais do solo (Tabela 1), que foi submetido o experimento realizado, observa-se que os genótipos PM30, PM31 e a cv. Massai não são recomendados para o período da seca, pelo teor de proteína apresentado nas lâminas foliares para este período. O teor apresentado pode acarretar em deficiência de proteína degradável no rúmen (PDR) para o crescimento microbiano e atividade fermentativa adequada.

Tabela 6 – Teores médios de proteína bruta (PB) de lâminas foliares de 23 genótipos de *Panicum maximum*, das águas e da seca

PB (% MS)					
Águas 1		Águas 2		Seca	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
PM43	13,1a	PM43	15,2 a	Aruana	13,3 a
PM47	12,8 a	Aruana	14,8 a	PM43	12,7 a
PM34	12,8 a	PM47	13,9 a	PM47	12,2 a
PM38	12,8 a	PM45	13,2 b	Milênio	12,2 a
PM33	12,8 a	PM36	13,0 b	PM36	12,1 a
PM36	12,5 a	PM33	12,9 b	PM34	12,0 a
Milênio	12,3 a	Mombaça	12,7 b	PM33	11,8 a
PM37	12,3 a	PM34	12,7 b	PM45	11,6 a
PM45	12,2 a	Milênio	12,6 b	Mombaça	11,5 a
Massai	12,2 a	PM35	12,3 c	PM37	11,4 a
PM41	12,1 a	PM37	12,3 c	PM38	11,3 a
Mombaça	12,1 a	PM46	12,2 c	PM39	10,8 b
PM44	12,1 a	PM38	12,1 c	PM41	10,7 b
PM42	11,9 a	PM44	12,1 c	PM35	10,5 b
Tanzânia - 1	11,5 b	PM30	12,0 c	PM42	10,5 b
PM40	11,5 b	PM42	11,9 c	PM46	10,4 b
PM46	11,3 b	Tanzânia - 1	11,9 c	PM32	10,1 b
PM39	11,1 b	PM41	11,8 c	PM40	10,0 b
PM32	11,1 b	PM40	11,7 c	PM44	9,9 b
PM30	11,0 b	PM32	11,5 c	Tanzânia - 1	9,5 b
PM35	10,8 b	PM39	11,3 c	PM30	9,0 c
PM31	10,7 b	Massai	10,5 d	Massai	8,3 c
Aruana	9,8 b	PM31	9,1 e	PM31	7,6 c
CV = 9,07%		CV = 6,28%		CV = 7,22%	

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

O genótipo que apresentou o teor de nitrogênio mais baixo nos três períodos foi PM31. Nas condições experimentais, os genótipos de maior teor de nitrogênio foram o PM43 e PM47, nos três períodos de avaliação. Brâncio (2002) avaliando três cultivares de *P. maximum* (Tanzânia, Mombaça e Massai) sob pastejo observou que, em suas condições experimentais, os teores de PB da cv. Massai sempre foram inferiores aos demais cultivares estudados. Já neste estudo os teores de PB entre as três cultivares foram diferentes no período de avaliação

Tratando-se de PB de lâminas foliares, que é à parte de maior preferência quando pastejada pelo animal, os teores encontrados neste trabalho estão acima dos 7% considerados críticos por Milford & Milson (1965) que ressaltaram que abaixo do qual ocorreria restrição ao consumo voluntário, pela redução da atividade microbiana no rúmen e da taxa de digestão da celulose, aumentando o tempo de retenção da forragem no rúmen.

Ocorreu interação significativa entre genótipo x ambiente para o acúmulo de PB na MSVLF (Tabela 7). A cv. Massai apresentou maior acúmulo de PB nos dois períodos das águas com 168,4 e 189,6 kg.ha⁻¹, respectivamente. E, a cv. Aruana apresentou o menor acúmulo de PB nos três períodos de avaliação em relação aos demais genótipos.

Tabela 7 – Teores médios de acúmulo de proteína na matéria seca verde de lâminas foliares (MSVLF_{PB} - kg.ha⁻¹) dos 23 genótipos de *Panicum maximum* nos períodos das águas e da seca

MSVLF _{PB} (kg.ha ⁻¹)					
Águas 1		Águas 2		Seca	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
Massai	168,4a	Massai	189,6a	PM30	63,7a
PM37	144,8a	PM30	130,4a	PM44	57,1a
PM38	124,1b	PM41	123,4a	PM46	57,0a
PM41	118,2b	Milênio	122,4a	PM41	51,9a
Mombaça	115,8b	PM37	120,4a	PM36	48,2a
Milênio	104,2b	PM32	118,3a	Massai	47,6a
PM36	102,9b	PM47	109,1a	Tanzânia – 1	47,3a
PM46	98,8b	PM36	105,6a	Mombaça	45,7a
PM30	95,9b	Mombaça	103,4a	PM42	45,1a
PM45	95,7b	PM46	103,4a	PM47	40,2a
PM35	92,1b	PM31	100,6a	PM45	40,1a
PM47	90,3b	PM44	100,4a	PM32	38,6a
PM33	86,7c	PM45	99,1a	PM33	38,4a
PM34	80,8c	PM33	95,9a	PM35	37,9a
PM40	80,8c	PM35	91,6a	Milênio	37,6a
PM44	74,9c	PM42	91,6a	PM37	35,0a
PM31	70,3c	PM39	81,1a	PM34	33,9a
PM42	69,2c	PM40	79,4a	PM38	33,5a
PM43	68,6c	PM34	77,1a	PM31	32,8a
PM32	62,5c	Tanzânia – 1	76,5a	PM40	31,0a
PM39	59,4c	PM38	75,9a	PM39	22,2a
Tanzânia – 1	48,6c	PM43	26,3a	PM43	19,4a
Aruana	14,6c	Aruana	23,7a	Aruana	10,8a
CV = 32,07%		CV = 30,83%		CV = 37,83%	

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

Para FDN (P>0,4453), HEM (P>0,2436), FDA (P>100,0), CEL (P>1,7475), LIGs (P>0,2739), LIGp (P>100,0), SIL (P>2,5913) e DIVMO (P>0,1928), não foram observadas interações significativas entre genótipo x ambiente (Tabelas 8 a 12).

Para o teor de FDN, observou-se que, 15 dos 23 genótipos estudados, apresentaram os teores elevados (72,2 a 80%), sendo eles cv. Massai, PM31, cv. Aruana, PM41, PM35, PM32, PM40, PM37, PM38, cv. Mombaça, cv. Milênio, PM 45, PM39, PM30 e PM47 (Tabela 8). Observa-se também que, os genótipos que apresentaram os maiores teores de PB (% MS) apresentaram os menores teores de FDN

e FDA (% MS) havendo assim, um maior destaque para os teores apresentados pelo genótipo PM43. Quanto maior o teor de PB, menor será o de FDN porque a correlação existente é negativa. A medida que a planta amadurece conseqüentemente diminuem os teores de carboidratos solúveis, PB e nutrientes digestíveis totais (NDT) e, ocorre um aumento da fibra.

Brâncio (2002) estudando a composição química e a digestibilidade de três cultivares de *P. maximum* (Tanzânia, Mombaça, Massai) também encontrou teores de FDN superiores a 75%. E os teores de FDA variaram de 44,2 a 43,8% durante o período experimental.

O teor de FDN, segundo Mertens (1994), está relacionado com o mecanismo de regulação de consumo. Todos os genótipos avaliados nos três períodos apresentaram os teores de FDN nas lâminas foliares superiores a 75%. E, segundo Mertens (1994), esse teor de FDN provavelmente regularia o consumo da matéria seca, considerando uma dieta composta exclusivamente por folhas. O teor de FDN nas forragens é inversamente relacionado com a ingestão de matéria seca pelo animal.

Minson (1981) também ressaltou que com o avanço da idade da planta ocorre um incremento no teor de fibra e um decréscimo no teor de proteína e na digestibilidade da matéria seca. Carboidratos, quando são utilizados, juntamente com o nitrogênio disponível, para a síntese de aminoácidos e proteína, aumentando não apenas os teores de PB, como também digestibilidade. Por outro lado, fatores favoráveis ao crescimento da planta, também são para lignificação parede celular, principalmente na fase de alongamento do caule. Como resultado, em termos proporcionais, pode ocorrer redução nos teores de PB (Van Soest, 1995).

Tabela 8 – Teores médios de fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) de lâminas foliares de 23 genótipos de *Panicum maximum* em três períodos de avaliação

FDN (% MS)		FDA (% MS)	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
Massai	80,0a	PM30	45,3a
PM31	79,7a	PM37	45,0a
Aruana	79,5a	PM35	44,5a
PM41	79,4a	PM41	44,2a
PM35	78,9a	PM31	44,0b
PM32	78,9a	PM32	43,4b
PM40	78,8a	PM46	43,3b
PM37	78,7a	Massai	43,3b
PM38	78,6a	Milênio	43,1b
Mombaça	78,6a	PM44	42,8c
Milênio	78,5a	Mombaça	42,6c
PM45	78,5a	PM45	42,5c
PM39	78,5a	PM33	42,5c
PM30	78,2a	PM42	42,4c
PM47	78,2a	PM36	42,4c
PM36	78,0b	Tanzânia	42,2c
PM34	77,8b	PM39	41,5d
PM42	77,3b	PM38	41,5d
PM46	77,1b	Aruana	41,0d
PM44	77,1b	PM47	41,0d
PM43	76,9b	PM34	40,9d
PM33	76,9b	PM40	40,8d
Tanzânia	76,5b	PM43	40,7d
CV = 1,10%		CV = 2,03%	

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

Para o acúmulo de FDN na MSVLF ocorreu interação significativa ($P = 0,0093$) entre genótipo x ambiente. A cv. Massai que apresentou o maior acúmulo de FDN nos dois períodos das águas, sendo que no primeiro período das águas não diferiu de PM37. Já a cv. Aruana e PM43 se destacaram pelo baixo acúmulo de FDN, para a cv. Aruana explica-se pelo baixo acúmulo de MSVLF. Já o PM43 pelo baixo teor de FDN e acúmulo de MSVLF. Entretanto no período da seca não houve superioridade dos genótipos em relação aos teores encontrados no período anterior, permanecendo a formação de apenas um grupo (Tabela 9).

Tabela 9 – Teores médios de acúmulo de FDN na matéria seca verde de lâminas foliares (MSVLF_{FDN} – kg.ha⁻¹) dos 23 genótipos de *Panicum maximum* nos períodos das águas e da seca

MSVLF _{FDN} (kg.ha ⁻¹)					
Águas 1		Águas 2		Seca	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
Massai	1099,8a	Massai	1431,9a	PM30	618,9a
PM37	915,8a	PM31	867,2b	PM44	462,8a
PM41	776,7b	PM41	835,1b	Massai	461,3a
PM38	759,3b	PM30	827,6b	PM46	400,1a
Mombaça	737,2b	PM32	814,7b	PM41	394,1a
PM30	685,8b	PM37	757,7b	Tanzânia – 1	386,1a
Milênio	679,3b	Milênio	757,1b	PM31	346,9a
PM46	673,4b	PM46	651,8c	PM42	338,6a
PM35	660,8b	PM44	628,5c	Mombaça	323,8a
PM36	636,2b	PM36	625,8c	PM36	310,9a
PM45	614,3b	Mombaça	615,2c	PM32	302,4a
PM40	554,1c	PM47	580,1c	PM35	291,2a
PM47	545,7c	PM45	578,7c	PM45	275,9a
PM31	522,0c	PM35	578,2c	PM47	263,5a
PM33	513,8c	PM33	577,6c	PM33	255,6a
PM34	479,4c	PM42	575,3c	PM37	246,7a
PM44	479,4c	PM39	552,6c	PM40	244,3a
PM42	457,4c	PM40	517,8c	Milênio	243,9a
PM32	441,6c	Tanzânia – 1	476,1c	PM38	239,4a
PM39	432,3c	PM38	472,0c	PM34	225,3a
PM43	412,9c	PM34	468,2c	PM39	165,5a
Tanzânia – 1	324,6c	PM43	131,4d	PM43	117,9a
Aruana	113,1c	Aruana	124,4d	Aruana	65,3a
CV = 30,42%		CV = 61,98%		CV = 46,24%	

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

Os teores de HEM e CEL das lâminas foliares são apresentados na Tabela 10. Os teores de HEM variaram de 38,5 a 32,9% para a cv. Aruana e o genótipo PM30, respectivamente. Comparando-se os teores de HEM nos genótipos avaliados, de um modo geral, podem ser considerados elevados, o que mostra que apesar dos genótipos terem apresentado elevado teor de FDN, boa parte deste constituiu-se de hemicelulose (Tabela 10).

A hemicelulose é um polissacarídeo amorfo com grau de polimerização muito inferior aos da celulose (Van Soest, 1995). Em células maduras, a hemicelulose encontra-se associada à lignina por ligações covalentes do que a outros polissacarídeos, o que diminui a digestibilidade da forragem. O teor de HEM pode variar de 14-25% da matéria seca de gramíneas, sendo assim os valores encontrados encontram-se acima do citado na literatura (Moore & Hatfield, 1994).

Tabela 10 – Teores médios de hemicelulose (HEM) e celulose (CEL) nas lâminas foliares de 23 genótipos de *Panicum maximum* em três períodos de avaliação

HEM (% MS)		CEL (% MS)	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
Aruana	38,5a	PM37	32,5a
PM40	37,9a	PM31	31,6b
PM47	37,1a	Massai	31,3b
PM38	37,1a	PM35	31,1b
PM39	37,0a	PM41	30,8b
PM34	36,9a	PM30	30,8b
Massai	36,7a	PM42	30,0c
PM43	36,4a	PM32	29,9c
PM45	35,9a	PM38	29,8c
Mombaça	35,9a	Tanzânia – 1	29,6c
PM31	35,7b	PM44	29,5c
PM36	35,5b	Mombaça	29,5c
PM32	35,4b	PM36	29,4c
Milênio	35,4b	PM45	29,2c
PM42	35,3b	Milênio	29,0c
PM41	35,1b	PM33	29,0c
PM35	34,4c	PM46	28,9c
PM33	34,3c	PM47	28,4d
PM44	34,3c	PM34	28,3d
Tanzânia – 1	34,2c	Aruana	28,0d
PM46	34,0c	PM39	28,0d
PM37	33,7c	PM40	27,7d
PM30	32,9c	PM43	26,5e
CV = 2,96%		CV = 1,73%	

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

Maiores variações nos teores de HEM entre os genótipos foram observados em relação ao teor de CEL. Os genótipos que apresentaram maior teor de HEM, a exceção do genótipo de PM38 e a cv. Massai verificaram maior teor de CEL. Observou-se que o genótipo PM43 apresentou o menor teor de CEL e o PM37 o maior, com 26,5 e 32,5%, respectivamente.

FORAGEIRAS TROPICAIS apresentam tendência a acumular constituintes da parede celular, quando comparados às espécies de clima temperado (Moore & Mott, 1977). Geralmente os tecidos vegetais contêm um alto teor, 35 a 80% de celulose, hemicelulose e lignina, com a função de manter a integridade estrutural da planta. Mas existe uma correlação negativa entre os constituintes da parede celular e o consumo animal, evidenciando que quanto maior a FDN da forragem, menor a digestibilidade e o consumo pelo animal (Jung & Allen, 1995).

Os teores médios de lignina (LIGs) apresentaram pequena variação entre os genótipos sendo esta diferença de oito pontos percentuais do maior para o menor valor

(3,3 a 4,1%). Os genótipos PM37 e PM30 apresentaram os maiores teores de LIGs em média 4,0%. No primeiro período das águas estes cultivares apresentaram alto acúmulo de MSVLF e no segundo período das águas só foram inferiores a cv. Massai.

Observa-se que o genótipo PM43 apresentou alto teor de PB e HEM, e baixo teores de FDN, FDA, CEL e LIGs (3,4%) (Tabela 11).

Dos cinco cultivares avaliados as cvs. Massai, Milênio e Mombaça apresentaram teor de LIGs semelhantes. Mas por outro lado apresentaram baixo acúmulo de MSVLF.

Os teores médios de LIGp são apresentados na Tabela 11, onde observa-se que houve uma variação de 2,5% entre os teores encontrados nos genótipos. A cv. Aruana com 9,3% de LIGs apresentou o maior teor. Enquanto que os genótipos PM43 e PM47, apresentam baixos teores de LIGs, ambos com 3,4% de LIGs (Tabela 11) e entre os menores teores de LIGp com 7,8 e 7,9%, respectivamente. A lignina é o componente da parede celular que, reconhecidamente, parece exercer seu efeito negativo na digestibilidade de polissacarídeos da parede celular no rúmen.

Tabela 11 – Teores médios de lignina em ácido sulfúrico (LIGs) (% MS) e lignina em permanganato de potássio (LIGp) e sílica (SIL) de lâminas foliares de 23 genótipos de *Panicum maximum*

LIGs (% MS)		LIGp (% MS)		SIL (% MS)	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Genótipo*	Médias	Genótipo*
PM37	4,1a	Aruana	9,3a	PM43	7,2a
PM30	4,0a	PM31	8,9a	PM46	6,9a
PM41	3,9b	Massai	8,8a	PM30	6,1b
Massai	3,8b	Milênio	8,7a	PM39	6,1b
PM32	3,8b	PM34	8,7a	PM33	5,9b
PM31	3,7b	PM30	8,7a	PM40	5,7b
Milênio	3,7b	PM41	8,7aa	Milênio	5,7b
PM35	3,7b	PM32	8,6a	PM47	5,4b
PM33	3,7b	Mombaça	8,4a	PM45	5,4b
Mombaça	3,7b	PM40	8,4a	PM44	5,4b
PM45	3,6c	PM45	8,4a	Aruana	5,3b
PM46	3,6c	PM39	8,3a	PM32	5,3b
PM44	3,5c	PM33	8,3b	Tanzânia – 1	5,2b
PM36	3,5c	PM46	8,2b	PM42	5,0c
PM34	3,5c	PM44	8,1b	PM34	5,0c
PM38	3,4c	PM37	8,0b	PM36	4,9c
PM42	3,4c	PM35	8,0b	Mombaça	4,9c
Tanzânia – 1	3,4c	PM47	7,9b	PM41	4,7c
Aruana	3,4c	PM36	7,8b	PM35	4,5c
PM43	3,4c	PM43	7,8b	PM37	4,0d
PM47	3,4c	PM38	7,8b	PM38	3,9d
PM39	3,3c	Tanzânia – 1	7,7b	PM31	3,6d
PM40	3,3c	PM42	7,7b	Massai	3,0d
CV = 4,27%		CV = 4,89%		CV = 11,52%	

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

Ainda na Tabela 11 são encontrados os teores médios de sílica, que em sua maioria, estão acima dos 5% que são recomendados como limites para afetar a digestibilidade da forrageira (Mertens, 1994). Observa-se que a cv. Massai, PM31, PM38 e PM37 apresentam menores teores de SIL (%MS) com 3,0; 3,6; 3,9% e 4,0%, respectivamente. Os maiores teores sílica encontrados são apresentados pelos genótipos PM43 e PM46, em média 7,2 e 6,9% de SIL (%MS), respectivamente. Mesmo presente em pequena quantidade o componente sílica pode conter possuem importante característica físico-químicas que influenciam no processo de digestão e absorção de componentes da parede celular e do conteúdo celular (Van Soest, 1995).

Alto teor de sílica na forragem está associado à menor aceitabilidade e à redução do consumo, uma vez que a sílica não é absorvida e aproveitada pelos animais. Segundo Lempp et al. (1998), a sílica atua como uma barreira física para a colonização microbiana na lâmina foliar. Entretanto, os teores de sílica constituem uma característica da espécie forrageira que devem ser levadas em consideração. Mesmo tomando-se todos os cuidados no momento da coleta das amostras, não se pode afirmar que a sílica analisada seja oriunda da forragem exclusivamente, e que não tenha contaminação do solo. Ainda assim representa o que estava na forragem mesmo que por motivos exógenos.

Observou-se que 61% dos genótipos apresentaram DIVMO variando de 54,8 a 50,7%. Os melhores teores relativos a DIVMO foram observados para os genótipos PM47 e PM 43, estando estes agrupados no primeiro grupo apresentando as maiores médias. Observa-se que os genótipos que apresentaram maiores teores de PB não se comportaram da mesma maneira em relação a DIVMO e, verificou-se que os genótipos com elevados teores de FDN apresentaram baixos teores de DIVMO. Os teores de DIVMO variaram de 46,5 a 54,8% de DIVMO (%MS) e estão próximos dos previstos para forrageiras tropicais (Tabela 12).

Observa-se que a cv. Massai, mesmo sendo uma cultivar que apresenta alta proporção de folha e baixa proporção de talo, que são características desejáveis para melhor manejo, apresentou baixos teores de DIVMO (48,5%) em relação as cvs. Aruana, Mombaça e Tanzânia – 1, que apresentaram teores 51,7; 51,0 e 50,7, respectivamente.

A digestibilidade de gramíneas tropicais situa-se em torno de 55 – 60%, sendo que para espécies com baixos teores de proteína, estes valores podem ser menores

se a concentração de proteína bruta da forragem for da ordem de 4 a 6% (Moore e Mott, 1973). Os resultados de DIVMO apresentados pelo estudo de Wilson (1981), em pastagem de *P. maximum*, relatam que a digestibilidade da matéria seca aumentou de 8 – 11 pontos percentuais, devido ao estresse hídrico quando estas foram comparadas à pastagem sem deficiência hídrica.

Segundo WILSON (1982), a temperatura constitui o principal fator de ambiente que influencia na qualidade da forrageira. Sob altas temperaturas de crescimento, as forrageiras apresentam maior proporção de parede celular e mais baixa digestibilidade (WILSON et al., 1976), além do aumento de lignificação da parede celular (VAN SOEST, 1995).

As maiores mudanças que ocorrem na composição química das forrageiras são aquelas que acompanham a maturação da planta. À medida que a planta amadurece a produção de componentes potencialmente digestíveis, compreendendo os carboidratos solúveis, proteínas e minerais e outros conteúdos celulares, tende a decrescer. Ao mesmo tempo, os teores de lignina, celulose e hemicelulose protegidas e outras frações indigestíveis, aumentam. Assim, decréscimos na digestibilidade ocorrem (Euclides, 1995).

Tabela 12 – Valores médios de digestibilidade *in vitro* na matéria orgânica (DIVMO) (% MS), das lâminas foliares de 23 genótipos de *Panicum maximum*

DIVMO (% MS)	
Genótipos	Médias*
PM47	54,8a
PM43	54,7a
PM34	53,4a
PM38	52,9a
PM45	52,0a
PM37	52,0a
Aruana	51,7a
PM46	51,7a
PM42	51,6a
PM36	51,0a
Mombaça	51,0a
PM39	50,9a
PM33	50,7a
Tanzânia – 1	50,7a
PM40	49,8b
PM41	49,4b
PM44	49,4b
PM32	49,2b
PM35	49,2b
Massai	48,5b
Milênio	47,9b
PM30	47,6b
PM31	46,5b
CV = 3,70%	

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

Os valores de FDNi não apresentaram interação significativa genótipo x ambiente ($P > 0,6863$). As maiores indegradabilidades foram observadas para os genótipos PM30 e a cv. Milênio e a menor para o genótipo PM43, em ambos os tempos de incubação. Isso provavelmente pode ser explicado pelas diferenças encontradas na composição bromatológica dos genótipos em estudo, no qual se observa que os genótipos que apresentaram os maiores teores de FDNi apresentaram também altos teores de LIGs, LIGp e baixa digestibilidade durante o período de avaliação (Tabela 13).

Tabela 13 – Indegradabilidade da fibra em detergente neutro (FDNi) (%MS) de lâminas foliares de 23 genótipos de *Panicum maximum* em três períodos de avaliação

144 horas		288 horas	
Genótipo	Médias*	Genótipo	Médias*
PM30	29,7a	PM30	22,2a
Milênio	28,7a	Milênio	21,1a
PM32	27,4a	PM32	20,4b
PM36	27,0b	PM35	19,9b
PM35	26,7b	PM33	19,7b
PM33	25,6b	PM41	18,7c
PM41	24,9c	PM36	18,6c
PM31	24,5c	Massai	17,7c
Massai	23,8c	PM31	17,6c
Mombaça	23,8c	Mombaça	17,4c
PM40	23,5c	PM40	17,3c
PM39	23,4c	PM39	16,9c
PM42	22,4d	PM37	16,7d
PM37	21,6d	PM46	16,0d
PM34	21,6d	PM34	15,6d
PM44	21,3d	PM44	15,3d
Tanzânia – 1	20,6d	PM45	15,1d
PM45	20,3e	PM42	14,8d
PM47	19,9e	PM47	14,6d
PM38	19,6e	Tanzânia – 1	14,4d
Aruana	19,5e	PM38	13,3e
PM46	19,0e	Aruana	13,3e
PM43	17,4e	PM43	12,2e
CV = 3,70%		CV = 5,01%	

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

Na região dos cerrados a temperatura mínima do ar, a disponibilidade de água e a fertilidade do solo podem ser considerados fatores limitantes à maior produtividade e qualidade da forrageira. Considerando-se que o experimento realizado não recebeu nenhuma adubação de correção e mediante as condições experimentais

apresentadas, fica evidente que os genótipos não expressaram a sua produtividade e qualidade máxima, uma vez que a espécie *P. maximum* tem exigência em solos férteis.

4.2 Análise multivariada das características agronômicas e de qualidade da forragem

Não houve efeito de multicolinearidade entre os caracteres avaliados, permitindo a aplicação das técnicas de análise multivariada citadas no material e métodos. Para a formação do dendrograma pelo método do vizinho mais próximo no primeiro período das águas considerou-se a maior distância 87,79 (Obtida pela D^2) com 100% de distância. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre os acessos e no eixo Y foram representados os 23 acessos de *P. maximum*. O estudo da dissimilaridade genética entre os genitores foi realizado utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis, de modo a obter dados consistentes auxiliando na diferenciação dos genótipos.

Por meio da análise de agrupamento obtida pela dissimilaridade genética de Mahalanobis ficou evidenciado que para o primeiro período das águas, com base no corte realizado sobre o dendrograma, logo após os 20% de distância, ocorreu à formação de dois grupos. Sendo o grupo I composto pelos genótipos cv. Massai, PM31, PM43, PM37, PM35, PM40, PM39, PM34, PM39, PM34, PM32, cv. Milênio, PM46, PM30, PM41, PM38, cv. Tanzânia, PM47, cv. Mombaça, PM45, PM42, PM33, PM44 e PM36 e o grupo II pela cv. Aruana. Entre o primeiro e o segundo grupo, a dissimilaridade genética é próxima dos 80% (Figura 2).

Pelo método da projeção de distâncias no plano pôde-se observar a formação de dois grupos bem distintos, sendo idênticos aos grupos apresentados pelos métodos de agrupamento de Tocher e do vizinho mais próximo (Quadro 1 e Figura 3). No agrupamento pelo método de Tocher adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (Cruz e Regazzi, 1997).

Quadro 1 - Grupos com padrões de comportamento similares estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, com base em sete características avaliadas em 23 genótipos de *Panicum maximum*, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) para o primeiro período das águas

Grupo	Genótipos (*)
I	7, 21, 5, 1, 13, 6, 8, 4, 22, 3, 10, 9, 16, 2, 18, 12, 19, 20, 11, 14, 15, 17
II	23

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

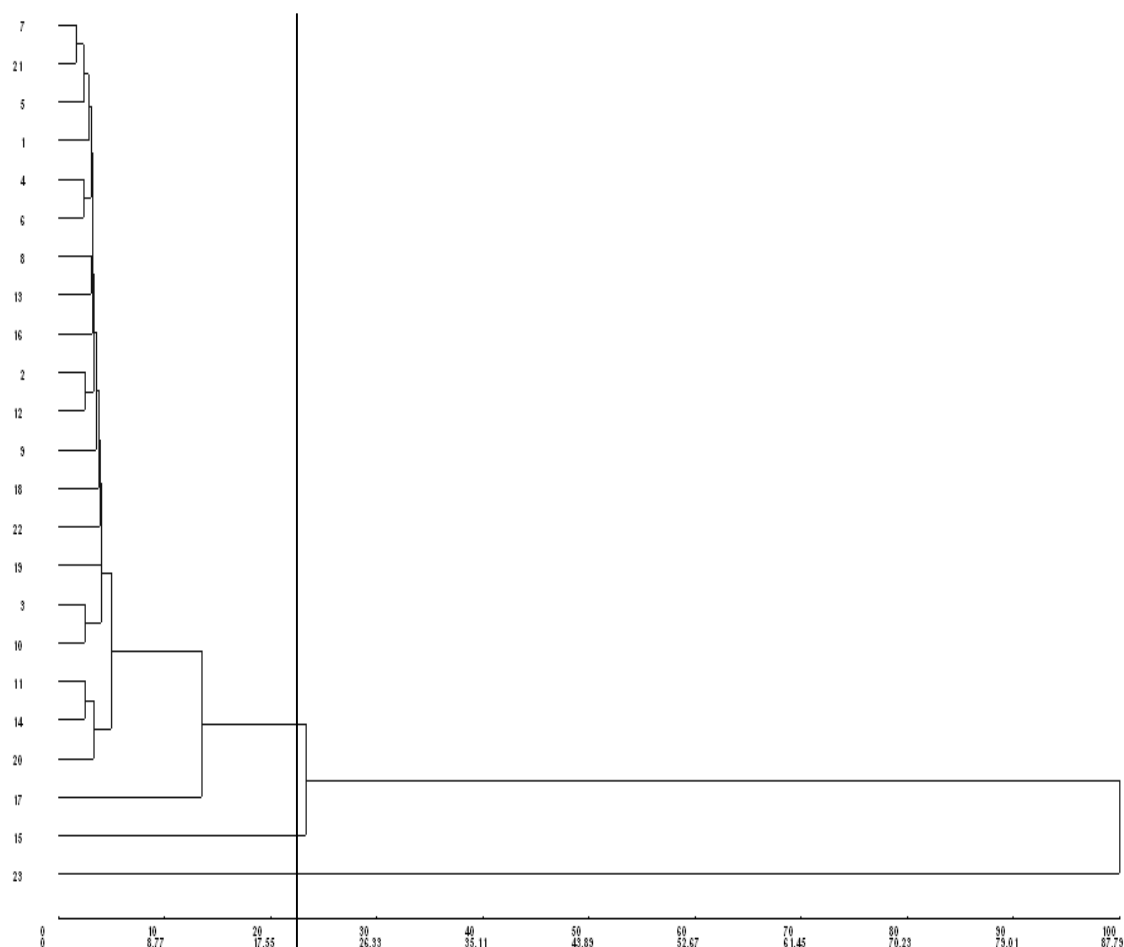


Figura 2 – Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 23 genótipos* de *Panicum maximum*, do primeiro período de avaliação, obtidos pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

Para simplificar a interpretação dos resultados, identificando genótipos similares em gráfico de dispersão bi ou tridimensional, utilizam-se também as variáveis canônicas nesse estudo de divergência genética. A viabilidade de sua utilização está restrita a concentração da variabilidade disponível entre as primeiras variáveis, como acima de 80% (Cruz e Regazzi, 1997). Neste trabalho as duas primeiras variáveis canônicas não explicaram 80% da variação total.

Para o primeiro período das águas houve concordância entre todos os métodos de divergência aplicados neste estudo e, seus elementos constituintes foram concordantes na quantidade de formação de grupos e na formação de seus elementos dentro de cada grupo.

Ao melhorista é interessante identificar o caráter com a maior contribuição para o processo de dissimilaridade. A magnitude correspondente à contribuição dos caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos 23 genótipos de *P. maximum*, de acordo com o método proposto por Singh (1981), os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética no primeiro período de avaliação são apresentados na Tabela 14. Deste modo, o caractere MSVLF - FDN (acúmulo de FDN na matéria seca verde de lâmina foliar) foi o que apresentou maior efeito relativo no processo de dissimilaridade, explicando 35,20% da variação total. Verifica-se que, dos demais caracteres apenas três (%F, MSVLFd, PB) apresentaram menor importância, ou seja, estes representam menos de 10% da variação.

Tabela 14 – Contribuição relativa de sete caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos 23 genótipos de *Panicum maximum* para o primeiro período de avaliação

Caracteres ¹	Valor em %
% F	5,65
% CB	15,47
MSVLF	12,86
MSVLFd	6,60
MSVLF – PB	17,19
MSVLF – FDN	35,20
PB	7,00

¹ %F = Porcentagem de Folha (% MS), %CB = Porcentagem de como e bainha (% MS), MSVLF = Kg de matéria seca verde de lâmina foliar (Kg/ha), MSVLFd = Kg de matéria seca verde de lâmina foliar digestível (Kg/ha), MSVLF-PB = (Kg de MSVLFxPB), MSVLF-FDN = (Kg de MSVLFxFDN), PB = Proteína bruta (% MS)

Para Cruz e Regazzi (1997), os caracteres dispensáveis em estudos de divergência genética compreendem os que são relativamente não variantes entre os genótipos estudados, apresentam instabilidade com a mudança às condições ambientais, ou são redundantes, por estarem correlacionados com outros caracteres. Variáveis com pequena variabilidade ou que estão correlacionadas com outras consideradas no estudo apresentaram coeficientes de grande magnitude nos outros autovalores (Cruz e Carneiro, 2003).

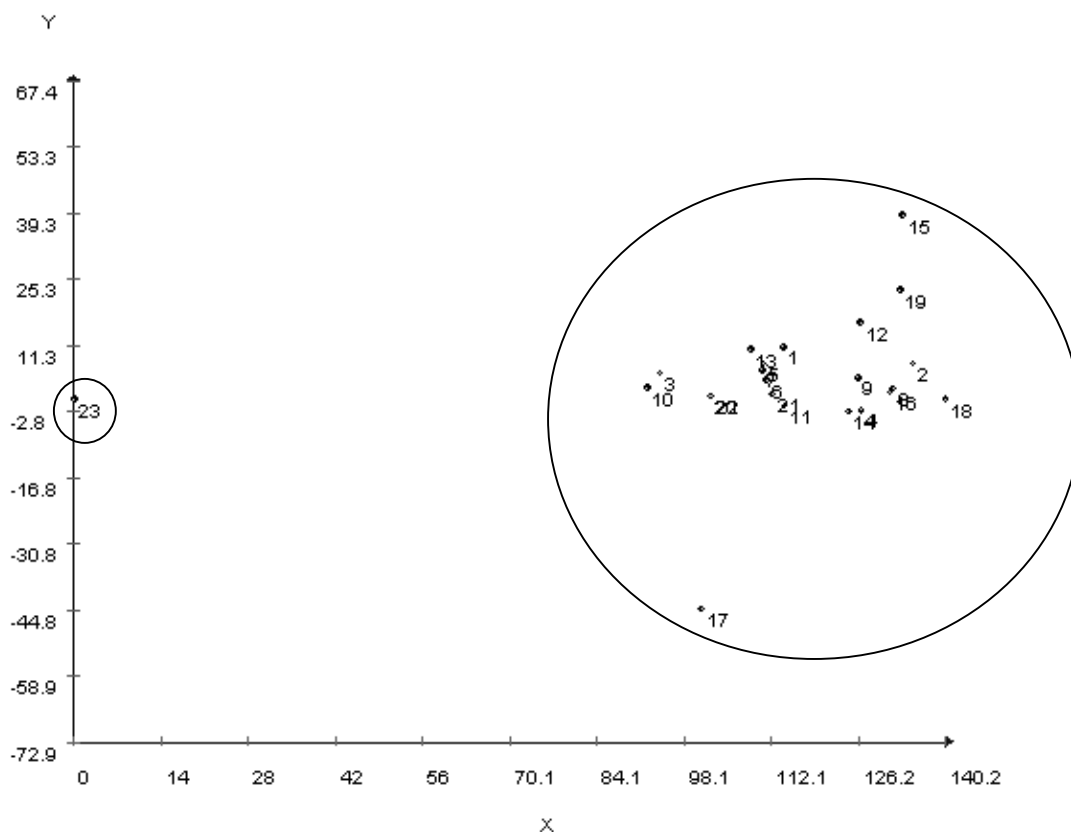


Figura 3 – Projeção das distâncias no plano (projecção gráfica bidimensional) utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) em 23 genótipos de *Panicum maximum* para o primeiro período das águas

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

No segundo período das águas, para a formação do dendrograma considerou-se a maior distância, 58,13 (Obtida pela D^2) como 100% de distância pelo método do vizinho mais próximo. Com base no corte realizado após os 30% de distância, resultou na formação de três grupos, que foram: grupo I: cv. Mombaça, PM46, PM42, PM34, PM35, PM33, PM36, PM39, PM40, PM44, PM45, cv. Tanzânia, cv. Milênio, PM30, PM37, PM47, PM41, PM32, PM38, PM31; grupo II: cv. Massai; grupo III: cv. Aruana e PM43 (Figura 4). Os grupos apresentados pelo método de Tocher para este período são idênticos aos apresentados pelo dendrograma da análise de dissimilaridade genética de Mahalanobis pelo método do vizinho mais próximo (Figura 4 e Quadro 2).

A projeção da distância no plano apresentada para o segundo período das águas apresenta a formação de três grupos, sendo estes compostos pelos mesmos

genótipos agrupados pelo método de Tocher e pela formação do dendrograma pelo método do vizinho mais próximo (Figura 5).

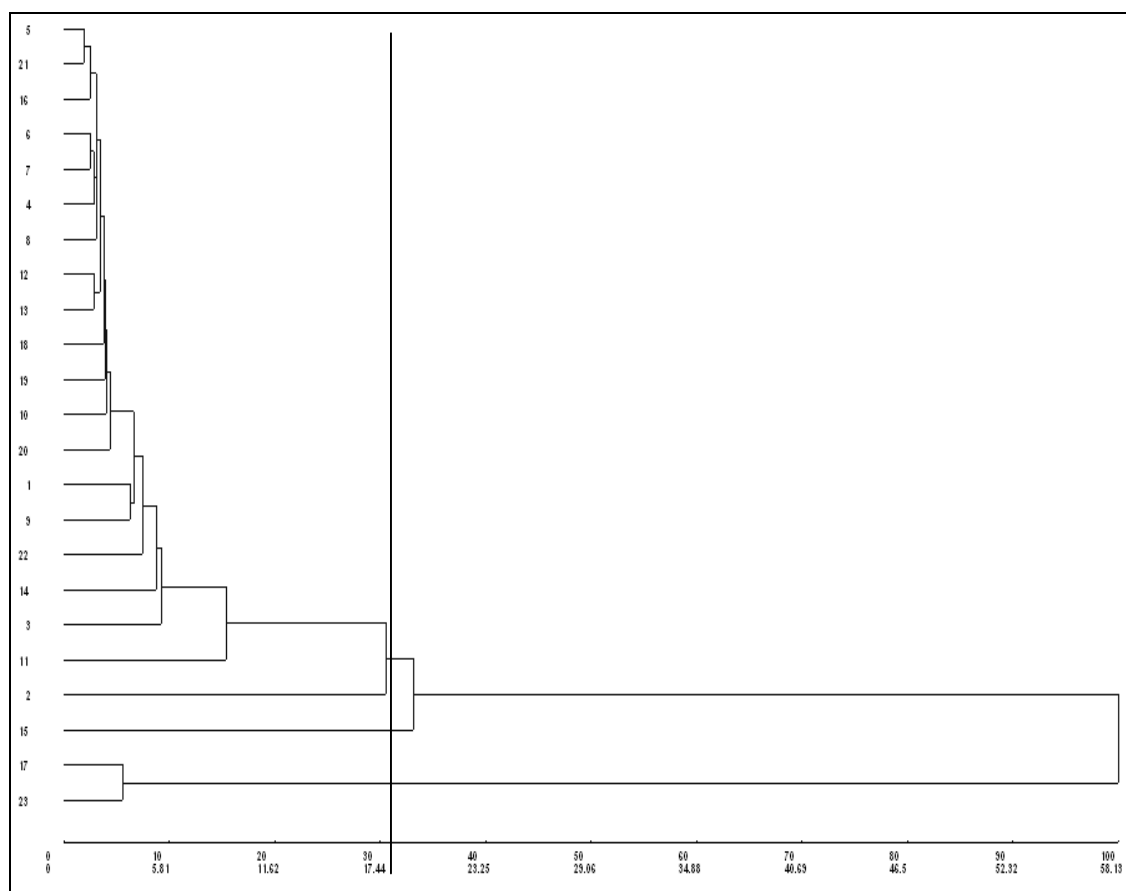


Figura 4 – Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 23 genótipos* de *P. maximum*, do segundo período das águas, obtidos pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

Quadro 2 - Grupos com padrões de comportamento similares estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, com base em sete características avaliadas em 23 genótipos de *Panicum maximum*, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) para o segundo período das águas

Grupo	Genótipos (*)
I	5, 21, 16, 6, 7, 13, 12, 4, 10, 8, 19, 18, 20, 14, 1, 22, 3, 9, 11
II	17, 23
III	2, 15

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

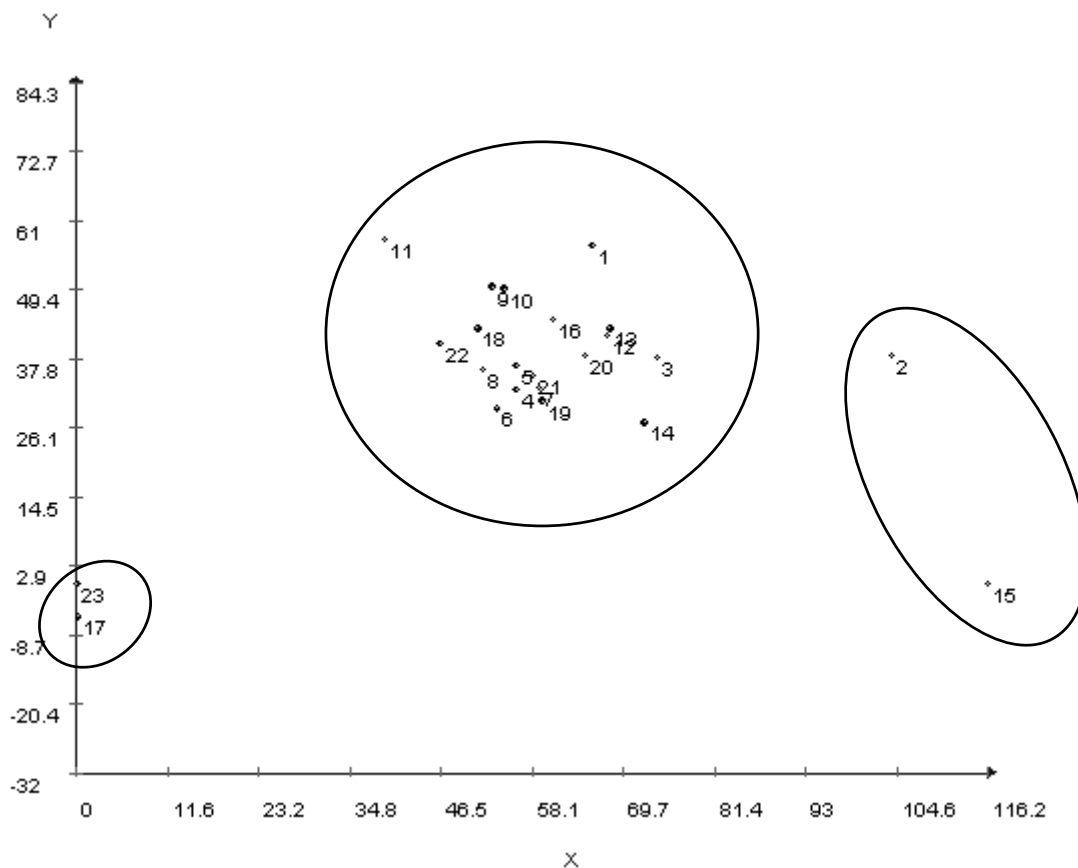


Figura 5 – Projeção das distâncias no plano (projeção gráfica bidimensional) utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D_2) em 23 genótipos de *Panicum maximum* para o segundo período das águas

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

No segundo período de avaliação o caractere que mais contribuiu relativamente foi novamente MSVLF - FDN com 40,11% da variação total. Neste período o caractere MSVLF apresentou contribuição relativa de 31,68% da variação total e os caracteres %F, %CB, MSVLFd foram os que representaram menos de 10% da variação total em ordem de descarte (Tabela 15). O caractere PB apresentou contribuição bastante próxima da ordem de descarte com 10,31 % da variação total.

Maior diferenciação ocorreu entre os genótipos no segundo período das águas em relação ao observado no primeiro período das águas. Esta diferença pode ter sido o reflexo da interação genótipo ambiente. Visto que no período de crescimento das plantas no segundo período das águas diferiram quanto ao agrupamento dos genótipos. Pelo método do vizinho mais próximo os genótipos PM43 e cv. Massai foram semelhantes, enquanto a cv. Aruana diferenciou-se de todos os genótipos. Já pelo

método de Tocher e pela projeção da distância no plano os genótipos PM43 e cv. Aruana, e PM31 e a cv. Massai foram semelhantes. O genótipo PM43 apresentou comportamento semelhante ao cv. Aruana, enquanto a cv. Massai ao PM31.

Durante o segundo período de avaliação não houve concordância entre os métodos de otimização de Tocher e método de dissimilaridade do Vizinho mais Próximo. Os elementos constituintes não foram concordantes entre os dois métodos embora haja uma concordância na quantidade de formação do grupo.

Tabela 15 – Contribuição relativa de sete caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos 23 genótipos de *Panicum maximum* para o segundo período das águas

Caracteres ¹	Valor em %
% F	1,25
% CB	2,30
MSVLF	31,68
MSVLFd	4,75
MSVLF – PB	14,55
MSVLF – FDN	35,13
PB	10,31

¹ %F = Porcentagem de Folha (% MS), %CB = Porcentagem de como e bainha (% MS), MSVLF = Kg de matéria seca verde de lâmina foliar (Kg/ha), MSVLFd = Kg de matéria seca verde de lâmina foliar digestível (Kg/ha), MSVLF-PB = (Kg de MSVLFxPB), MSVLF-FDN = (Kg de MSVLFxFDN), PB = Proteína bruta (% MS)

No terceiro período de avaliação, representativo da seca, para a formação do dendrograma pelo método do vizinho mais próximo considerou-se a maior distância, 42,5 (Obtida pela D^2) com 100% de distância. O corte efetuado próximo dos 30% de distância, resultando na formação de dois grupos: grupo I formado pelos genótipos PM34, PM37, PM36, PM45, PM47, cv. Mombaça, PM35, PM38, PM42, PM40, PM39, PM44, PM43, PM41, cv. Tanzânia, cv. Aruana, PM31, cv. Massai, PM32, PM46, PM30 e grupo II: cv. Milênio (Figura 6).

O método da projeção de distâncias no plano para o terceiro período de avaliação apresentou a formação de dois grupos, não se diferenciando do agrupamento formado pelos métodos de Tocher (Quadro 3) e do vizinho mais próximo e, da dissimilaridade genética de Mahalanobis apresentada na Figura 6. Portanto, observa-se que os resultados dos agrupamentos entre os métodos para este período, apresentaram concordância de resultados (Figura 7).

Quadro3 - Grupos com padrões de comportamento similares estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, com base em sete características avaliadas em 23 genótipos de *Panicum maximum*, utilizando a distancia generalizada de Mahalanobis (D^2) para período da seca

Grupo	Genótipos (*)
I	6, 9, 8, 19, 4, 22, 5, 11, 7, 16, 14, 13, 18, 12, 17, 21, 10, 15, 3 1, 2, 23
III	20

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

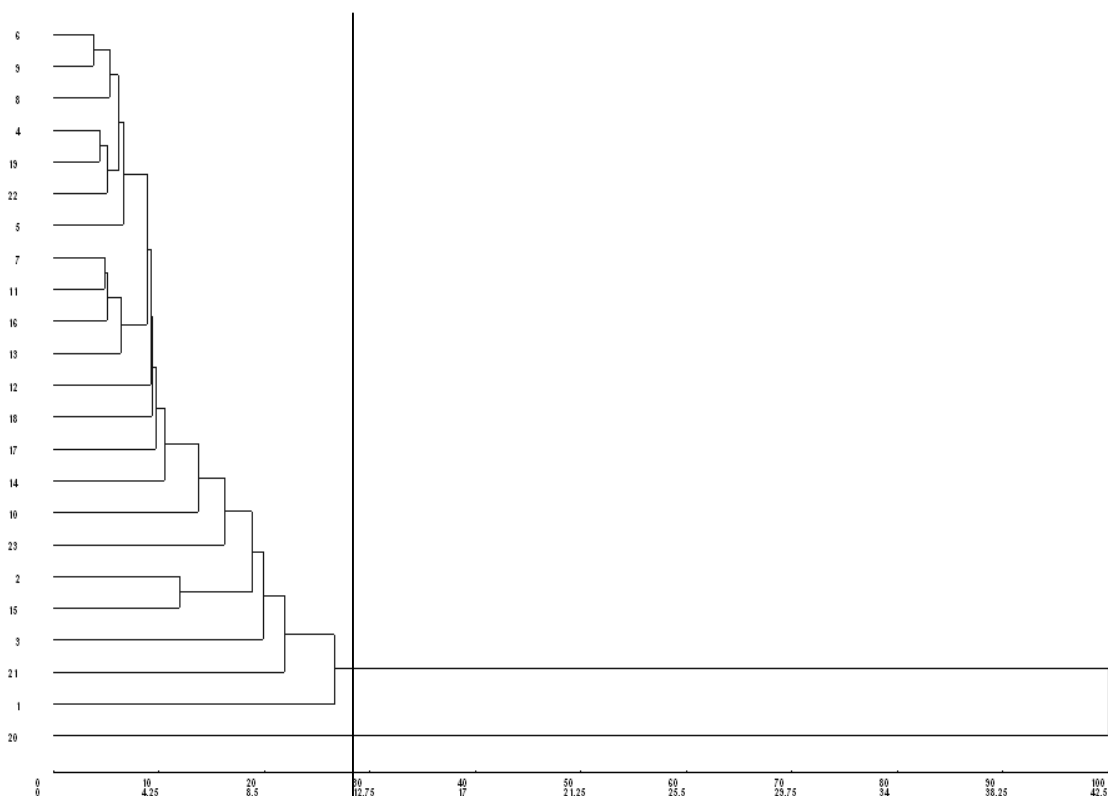


Figura 6 – Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 23 genótipos* de *Panicum maximum*, do terceiro período de avaliação, representativo da seca, obtidos pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

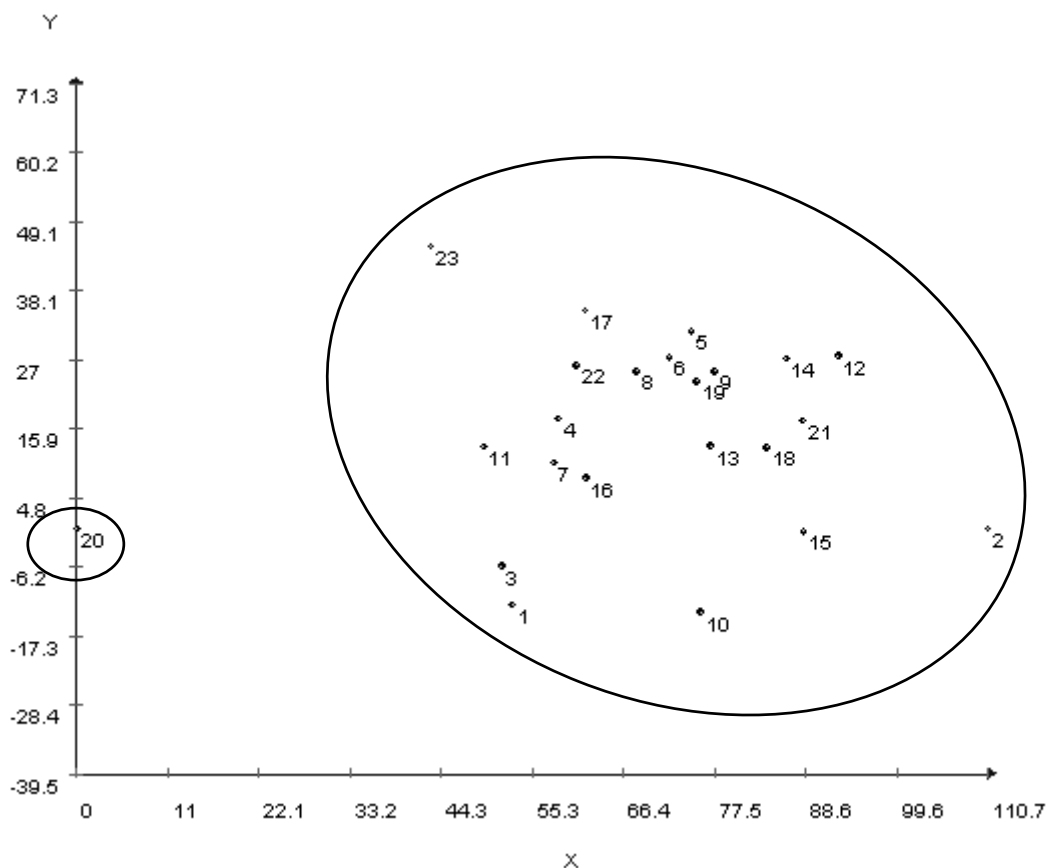


Figura 7 – Projeção das distancias no plano (projeção gráfica bidimensional) utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D2) em 23 genótipos de *P. maximum* para o terceiro período de avaliação

* 1 (PM30); 2 (PM31); 3 (PM32); 4 (PM33); 5 (Mombaça); 6 (PM34); 7 (PM35); 8 (PM36); 9 (PM37); 10 (Tanzânia); 11 (PM38); 12 (PM39); 13 (PM40); 14 (PM41); 15 (Massai); 16 (PM42); 17 (PM43); 18 (PM44); 19 (PM45); 20 (Milênio); 21 (PM46); 22 (PM47) e 23 (Aruana).

O caractere MSVLF – FDN apresentou a maior contribuição relativa no terceiro período de avaliação com 31,05% da variação total e, com isso observa-se que este foi o caractere que mais contribuiu durante os três períodos de avaliação. Os caracteres %F, MSVLFd, MSVLF - PB foram os que representaram menos de 10% da variação total em ordem de descarte, apresentando 1,27; 3,84 e 9,32% da variação total (Tabela 16).

Houve para o terceiro período concordância entre todos os métodos de divergência aplicados neste estudo, seus elementos constituintes, quantidade de formação de grupos e formação de seus elementos dentro de cada grupo.

Tabela 16 – Contribuição relativa de sete caracteres para o processo de dissimilaridade genética dos 23 genótipos de *Panicum maximum* para o terceiro período de avaliação

Caracteres	Valor em %
% F	1,27
% CB	13,43
MSVLF	23,44
MSVLFd	3,84
MSVLF – PB	9,32
MSVLF – FDN	31,05
PB	17,61

¹ %F = Porcentagem de Folha (% MS), %CB = Porcentagem de como e bainha (% MS), MSVLF = Kg de matéria seca verde de lâmina foliar (Kg/ha), MSVLFd = Kg de matéria seca verde de lâmina foliar digestível (Kg/ha), MSVLF-PB = (Kg de MSVLFxPB), MSVLF-FDN = (Kg de MSVLFxFDN), PB = Proteína bruta (% MS)

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise de dissimilaridade genética proposta permitiu identificar a variabilidade existente entre os genótipos de *P. maximum* por meio de caracteres agronômicos e da composição química das lâminas foliares.

Houve marcante influência das condições ambientais na formação de grupos de genótipos para as características MSVLF, MSVCB, %F, %CB, MSVLF/FDN, MSVLF/PB e PB. O acúmulo de massa, as proporções de tecidos e a qualidade das plantas forrageiras podem ser fortemente influenciadas pelas condições ambientais, sendo também dependentes das diferenças genéticas entre as espécies.

O teor de PB pode ser considerado um forte indicador para discriminação dos genótipos nas condições experimentais.

Dos caracteres agronômicos avaliados, o acúmulo de MSVLF, teve uma maior importância relativa na discriminação dos genótipos em relação aos caracteres qualitativos.

Os resultados obtidos confirmam então a potencialidade de uso dos caracteres agronômicos que junto com técnicas da genética quantitativa tem auxiliado diretamente o melhorista no desenvolvimento de novas cultivares.

7. CONCLUSÕES

O acúmulo de massa em termos de MSVLF foi o caractere que mais discriminou os genótipos, selecionando-se genótipos para baixa saturação de bases.

Para uma melhor discriminação dos genótipos em termos de qualidade deve-se buscar em novos estudos, trabalhar nas condições ideais de crescimento obtendo-se uma maior produtividade e qualidade da forrageira a ser selecionada.

8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARONOVICH, S. O capim colonião e outros cultivares de *Panicum maximum* (Jacq.): introdução e evolução do uso no Brasil. In: PEIXOTO, A....(Eds.) SIMPOSIO SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 12., **Anais...** Piracicaba: FEALQ, p.1-20. 1995.

ALCÂNTARA, PB; PEDRO JR., M.J.; DONZELLI, P.L. Zoneamento edafoclimático de plantas forrageiras. In: SIMPOSIO SOBRE ECOSISTEMAS DE PASTAGENS, 2.; Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: UNESP, p.1-16. 1993.

ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS – AOAC. Official methods of analysis. Arlington, v.1, p.72-74, 1990.

BERCHIELLI, T.T.; SADER, A.P.O.; TONANI, F.L.; PAZIANI, S.F.; ANDRADE, P. de. Avaliação da determinação da fibra em detergente neutro e da fibra em detergente ácido pelo sistema ANKOM. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v.30, n.5, p. 1572-1578. 2001.

BRÂNCIO, P.A; NASCIMENTO JR, D.; EUCLIDES, V.P.B.; REGAZZI, A.J.; ALMEIDA, R.G.; FONSECA, D.M.; BARBOSA, R.A. Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* Jacq. Composição química e digestibilidade da forragem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p. 1605 – 1613, 2002.

BATISTOTI, C. **Quantificação morfoanatômica lâminas foliares de genótipos de *Panicum maximum***. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, 63 p. 2006.

CECATO, U.; BARBOSA, M.A.A.; SAKAGUTI, E.S.; DAMASCENO, J.C.; SUZUKI, E.; MEURER, F. Avaliação de cultivares de *Panicum maximum* Jacq. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, p 109 – 111. 1996.

CECATO, U.; MACHADO, A. O. M.; MARTINS, E. N.; PEREIRA, L. A. F.; BARBOSA, M. A. A. F.; SANTOS, G. T. Avaliação da produção de algumas características da rebrota de cultivares e acessos de *Panicum maximum* Jacq. Sob duas alturas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 3, p 660 – 668, 2000.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Imprensa Universitária, 648p. 2006.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 585p. 2003.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 390p. 1997.

EUCLIDES, V.P.B.; MACEDO M.C.M.; VALLE, L.C.S. **Avaliação de acessos de *Panicum maximum* sob pastejo**. Campo Grande: EMBRAPA - CNPGC (EMBRAPA – Programa de Produção Animal), 7p. 1995.

EUCLIDES, V.P.B; EUCLIDES FILHO, K. Avaliação de forrageiras sob pastejo. In: SIMPÓSIO SOBRE AVALIAÇÃO DE PASTAGEM COM ANIMAIS, 1. **Anais...** Maringá: Cooper Artes Gráfica, p. 85 – 111. 1997.

HERLING, V. R.; BRAGA, G. J.; LUZ, P. H. C.; OTANI, L. Tobiata, Tanzânia e Mombaça. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DE PASTAGEM 17., **A planta forrageira no sistema de produção**. Piracicaba: FEALQ, p. 21 – 64. 2000.

JANK, L. Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum* .In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DE PASTAGEM, 12, Piracicaba, 1995. **Anais...** Piracicaba: FEALQ. p.21-58. 1995.

JANK, L. Potencial do Gênero *Panicum*. SIMPÓSIO BRASILEIRO DE FORRAGEIRAS E PASTAGENS. **Anais...** In: CBNA (Eds.). Campinas: Colégio Brasileiro de Nutrição Animal, p 25-31. 1994.

JANK, L., SAVIDAN, Y.N., SOUZA, M.T., COSTA, J.C.G. Avaliação do germoplasma de *Panicum maximum* introduzido na África. I. Produção forrageira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.23, n.3, p. 433-440, 1994.

JUNG, H.G.; ALLEN, M.S. Characteristics of plant cell walls affecting intake and digestibility of forages by ruminants. **Journal Animal Science**, v. 73, p. 2774 – 2790. 1995.

LEMPP, B.; EZEQUIEL, J.M.B.; SANTOS, J.M. et al. Influência das células epidérmicas na fragilidade de lâminas de *Panicum maximum* Jacq.. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998. **Anais...** Botucatu: Sociedade Brasileira de Zootecnia, v.2, p.209-211. 1998.

LIMA, M.L.M. **Análise Comparativa da Efetividade da Fibra de Volumosos e Subprodutos**. Tese (Doutorado), Piracicaba: ESALQ, 131p. 2003.

MARTEN, G.C.; SHENK, J.S.; BARTON, F.E. **Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis of forage quality**. Washington: USDA, ARS, 110p. (Agriculture Handbook, 643). 1985.

MARTINS, P.S.; VELLO, N.A. **Melhoramento de gramíneas forrageiras**. Pastagens: Fundamentos da exploração racional. 2a Ed. PEIXOTO, A.M.; MOURA, J.C; FARIA, V.P. (Eds.). Piracicaba: FEALQ, 908p. 1994.

MEDEIROS, S.R. Energia e nutrição animal. In: Curso on-line: Valor Nutricional dos alimentos. Agripoint, Piracicaba. 2004(CD-ROM).

MERTENS, D.R. Análise da Fibra e sua Utilização na Avaliação de Alimentos e Formulação de Rações. In: SIMPOSIO INTERNACIONAL DE RUMINANTES; Lavras - MG. **Anais...** Lavras: SBZ, p.188 – 219. 1992.

MERTENS, D.R. Regulation of forage intake. In: FAHEY Jr., G.C.; MOSER, L.E.; MERTENS, D.R.; COLLINS, M. (Eds.). **Forage quality evaluation and utilization**. Nebraska: American Society of Agronomy, Crop Science of America, Soil Science of America, 988p. 1994.

MILFORD, R.; MINSON, D. J. Intake of tropical pasture species. In: CONGRESSO INTERNACIONAL DE PASTAGENS, 9. **Anais...** São Paulo: Alarico, p. 815 – 822. 1965.

MINSON, D.J. Nutricional differences between tropical and temperature pastures. In: MORLEY, F.H.W. (Ed.) **Grazing animals**. Amsterdam: Elsevier Scientific, cap.8, p.143-157. 1981.

MINSON, D.J.; WILSON, J.R. Prediction of intake as an element of forage quality. In: FAHEY Jr., G.C.; MOSER, L.E.; MERTENS, D.R.; COLLINS, M. (Eds.). **Forage quality evaluation and utilization**. Nebraska: American Society of Agronomy, Crop Science of America, Soil Science of America, 988p. 1994.

MOORE, K. J.; HATFIELD, R. D. Carbohydrates and forage quality. In: FAHEY Jr., G.C.; MOSER, L.E.; MERTENS, D.R.; COLLINS, M. (Eds.). **Forage quality evaluation and utilization**. Nebraska: American Society of Agronomy, Crop Science of America, Soil Science of America, 988p. 1994.

MOTT, G.O. Evaluacion de la producción de forrajes. In: HUGHES, H.D.; HEATH, M.E.; METCALF D.S. (Eds). **Forrajes – la ciencia de la agricultura basada en la producción de pastos**. México. 1970.

NELSON, C.J.; MOSER, L.E. Plant factors affecting forage quality. In: FAHEY Jr., G.C.; MOSER, L.E.; MERTENS, D.R.; COLLINS, M. (Eds.). **Forage quality evaluation and utilization**. Nebraska: American Society of Agronomy, Crop Science of America, Soil Science of America, 988p. 1994.

ORSKOV, E.R.; HOVEL, F.D.; MOULD, F.L. The use of the nylon bag technique for the evaluation of feedstuffs. **Trop. Anim. Prod.** 5, p. 195 – 213. 1980.

PATERSON, J.A.; BELYEA, R.L.; BOWMAN, J.P.; KERLEY, M.S.; WILLIAMS, J.E. The impact of forage quality and supplementation regimen on ruminant intake and performance. In: FAHEY Jr., G.C.; MOSER, L.E.; MERTENS, D.R.; COLLINS, M.

(Eds.). **Forage quality evaluation and utilization**. Nebraska: American Society of Agronomy, Crop Science of America, Soil Science of America, 988p. 1994.

PARSONS, A.J.; JOHNSON, J.R.; HARVEY, A. Use of a model to optimize the interaction between frequency and severity intermittent defoliation and to provide a fundamental comparison of the continuous and intermittent defoliation of grass. **Grass and Forage Science**, v. 43, p. 49 – 59. 1988.

PEDREIRA, J. V. S.; MATTOS, H.B. Crescimento estacional de 25 espécies ou variedades de capins. **Boletim de Industria Animal**, v. 38, n. 2, p. 117 – 143. 1981.

QUADROS, D.G.de; RODRIGUES, L.R.A.; FAVORETTO, V.; MALHEIROS, E.B.; HERLING, V.R.; RAMOS, A.K.B. Componentes da Produção de Forragem em Pastagens dos Capins Tanzânia e Mombaça Adubadas com Quatro Doses de NPK. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, p. 1333-1342. 2002.

ROCHA, G.L. **Eossistemas de Pastagens: aspectos dinâmicos**. Piracicaba: SBZ: FEALQ, p.391. 1991.

RODRIGUES, A.L.P.; SAMPAIO, I.B.M.; CARNEIRO, J.C.; TOMICH, T.R.; MARTINS, R.G.R. Degradabilidade da matéria seca de forrageiras tropicais obtidas em diferentes épocas de corte. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v. 56, n.5, p 658 – 664. 2004.

SANO, E. E.; BARCELOS, A. O.; BEZERRA, H. S. Área e distribuição espacial de pastagens cultivadas no Cerrado. Planaltina: Embrapa Cerrados, 21p. (Embrapa Cerrados – Boletim de Pesquisa 3). 1999.

SANTOS, C. F.; MENEZES, E. A.; ARAÚJO, F.P. divergência genética em genótipos de feijão-de-corda avaliados em dois ambientes. *Ceres*, Viçosa, v .44, n. 251, p 35 – 42. 1997.

SANTOS, P.M.; CORSI, M. BALSALOBRE, M.A.A. Efeito da frequência de pastejo e da época do ano sobre a produção e a qualidade em *Panicum maximum* cvs. Tanzânia e Mombaça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.2, p.244 – 249. 1999.

SAVIDAN, Y.H., JANK, I., COSTA, J.C.G. **Registros de 25 acessos selecionados de *Panicum maximum***. Campo Grande: EMBRAPA – CNPGC, 68p. (Documento 44). 1990.

SILVA, S.C. da; PEDREIRA, C. G. S. Princípios de ecologia aplicados ao manejo da pastagem. In: SIMPÓSIOS SOBRE ECOSSISTEMAS DE PASTAGENS. **Anais...** Jaboticabal: FCAV/UNESP, p. 1 – 62. 1997.

SOUSA, M.S.de,; EZEQUIEL, J.M.B.; JUNIOR, P.R.; MALHEIROS, E.B. Efeitos de fontes nitrogenadas com distintas degradabilidades sobre o aproveitamento da fibra, do nitrogênio e do amido em rações para bovinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.5, p. 2138-2148. 2002.

TILLEY, J.M.A & TERRY, R.A. A two-stage technique for the in vitro digestion of forage crops. **Journal of the British Grassland Society**, v. 18, n. 2, p. 104-111, 1963.

VAN SOEST, P.J. & WINE, R.H. Determination of lignin and cellulose in acid-detergent fiber with permanganate. **Journal Association Agricultural Chemistry**, vol. 51, p. 780-785, 1968.

VAN SOEST, P.J. **Nutritional ecology of the ruminant**. 2a Ed. New York: Cornell University. 475p. 1995.

VAN SOEST, P.J.; ROBERTSON, J.B.; LEWIS, B.A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. **Journal Dairy Science**, vol. 74, p. 3583-3597, 1991.

VIEIRA, J. M.; KICHEL, A. Estabelecimento e recuperação de pastagens de *Panicum maximum*. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DE PASTAGEM, 12, Piracicaba, 1995. **Anais...** Piracicaba: FEALQ. p.21-58. 1995.

WILSON, J.R. the effects of water stress on herbage quality. **Proceedings of the 14 th International Grassland Congress**, Lexington, U.S.A. (in press). 1981.

WILSON, J.R. Effects of water stress on herbage quality. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 14. **Proceedings...** Lexington: s. ed., p. 470 – 472. 1982.

WILSON, J.R., TAYLOR, A.O., DOLBY, G.R. Temperature and atmosphere humidity effects on cell wall content and dry matter digestibility of some tropical and temperate grasses. **N.Z. J. Agric. Res.**, v.19, n.1, p.41-46, 1976.

MARTEN, G.C.; SHENK, J.S.; BARTON, F.E. **Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis of forage quality**. Washington: USDA, ARS, 110p. (Agriculture Handbook, 643). 1985.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)