

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

**CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MOLECULAR E MORFOLÓGICA DE
ACESSOS DE *Paspalum notatum* Flugge e *Paspalum guenoarum* Arech.**

MARCELO GOMES STEINER
(Engenheiro Agrônomo – UFRGS)

Dissertação apresentada como um dos requisitos para a obtenção do grau de
Mestre em Zootecnia, área de concentração Plantas Forrageiras.

Porto Alegre (RS) Brasil
Agosto, 2005.

Cuidando do Campo

- Gujo Teixeira

*O campo nos cobra o preço
mas dá em dobro, o que tem
verdeja a grama forquilha
quando termina o azevém.
Tem sempre a sabedoria
que a natureza não nega
pastorejando os terneiros
que nascem pelas macegas.*

AGRADECIMENTOS

Ao Professor Miguel Dall'Agnol, meu profundo agradecimento pela orientação, confiança e amizade que me acompanharam durante este mestrado, somados ao grande senso de humor nas horas de confraternização e viagens.

Aos professores, Maria Tereza Schifino-Wittmann e Carlos Nabinger, pelo grande auxílio, sugestões e esclarecimento de dúvidas sempre deparáveis ao longo deste caminho.

Ao Prof. Paulo César de Faccio Carvalho, pela confiança e indicação do meu nome ao Prof. Miguel Dall'agnol.

A disponibilidade dos professores, Aino Jacques, Simone Meredith Scheffer-Basso, José Francisco Montenegro Valls e Luís Mauro Gonsalves Rosa, pela atenção, colaboração, disponibilidade de materiais e auxílio na resolução dos dados que formaram esta dissertação.

Aos meus amigos e colegas de pós-graduação, Paula Mena Barreto Dias, Fernanda Bortolini, Ricardo Flores, Rogério Jaworski dos Santos e Armando Martins, pela amizade, dedicação, companheirismo e ensinamentos durante todo o período do curso.

Aos bolsistas, Andrea Celia, Fernanda Guedes, Miriam Trevisan, Vladirene Vieira, Carmen Vieira, Amauri Pivotto, pela amizade e ajuda na realização do trabalho de campo e laboratório.

Aos amigos, alguns colegas de início de graduação que acompanham minha trajetória nestes últimos anos, outros conhecidos durante o mestrado, pela amizade e companheirismo, Luis Felipe Dresch, Leonardo A. Crancio, Guilherme F. Cauduro, Ângelo e Antônio Q. Aguinaga, Edna N. Gonçalves, Fabiana K. Freitas, Davi T. dos Santos, Marília T. Lopes e Igor J. Carassai.

Aos funcionários Roberto Nazareno R. Canute e Carlos Paulo Koller, pela dedicação e auxílio ao trabalho na EEA.

À CAPES, pela concessão de bolsa.

E principalmente a minha família. A minha mãe Maria Inez Gomes Steiner, meu pai Dino Steiner, minha irmã Camila Gomes Steiner Ramos e minha avó Olga Cardoso Gomes. Amor, admiração, confiança, respeito, dedicação e amizade. Os verdadeiros e mais firmes alicerces da minha vida.

SUMÁRIO

	Pagina
CAPÍTULO 1 CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MOLECULAR E MORFOLÓGICA DE <i>Paspalum notatum</i> Flügge	1
1.1. INTRODUÇÃO	4
1.2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	6
CAPÍTULO 2 PRODUÇÃO DE MATÉRIA SECA E ANÁLISE BROMATOLÓGICA DE <i>Paspalum notatum</i> Flügge e <i>Paspalum guenoarum</i> Arech.	19
2.1. RESUMO	20
2.2. ABSTRACT	21
2.3. INTRODUÇÃO	21
2.4. MATERIAL E MÉTODOS	23
2.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
2.6. CONCLUSÕES	40
2.7. LITERATURA CITADA	40
CAPÍTULO 3 CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE <i>Paspalum notatum</i> Flügge ATRAVÉS DO USO DE MARCADORES RAPD.	46
3.1. RESUMO	46
3.2. ABSTRACT	47
3.3. INTRODUÇÃO	47
3.4. MATERIAL E MÉTODOS	49
3.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	53
3.6. CONCLUSÃO	56
3.7. LITERATURA CITADA	56
CAPÍTULO 4 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE <i>Paspalum notatum</i> Flügge	58
4.1. RESUMO	59
4.2. ABSTRACT	60
4.3. INTRODUÇÃO	60
4.4. MATERIAL E MÉTODOS	62

4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	64
4.6 CONCLUSÕES	70
4.7 LITERATURA CITADA	71
CAPÍTULO 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	72
CAPÍTULO 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	75
CAPÍTULO 7 APÊNDICES	79
VITA	129

RELAÇÃO DAS TABELAS

	Página
CAPÍTULO 2	
Tabela 1. Produção de matéria seca no primeiro ano (2003-2004) dos diferentes ecótipos em Kg/ha, Eldorado do Sul.	27
Tabela 2. Produção de matéria seca no segundo ano (2004-2005) dos diferentes ecótipos em Kg/ha, Eldorado do Sul.	30
Tabela 3. Produção de MS em cada corte no primeiro ano de avaliações, em Kg/ha, Eldorado do Sul, 2004	34
Tabela 4. Produção de MS em cada corte no segundo ano de avaliações, em Kg/ha, Eldorado do Sul, 2005	34
Tabela 5. Porcentagens de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) em cinco ecótipos de <i>Paspalum</i> , Eldorado do Sul, 2004.	38
CAPÍTULO 3	
Tabela 1. Localização dos diversos acessos de <i>P. notatum</i> .	49
Tabela 2. <i>Primers</i> testados, em destaque (Sublinhados) os incluídos no estudo.	50
CAPÍTULO 4	
Tabela 1. Origem dos diversos acessos de <i>P. notatum</i> .	62
Tabela 2. Características morfológicas dos acessos de <i>P. notatum</i> (M = média e s = desvio padrão)	67
Tabela 3. Estatísticas descritivas obtidas pela análise da distância de Mahalanobis.	68
Tabela 4. Caracterização dos 6 grupos formados pelo método de Tocher (valores médios, máximos e mínimos de cada grupo para as onze variáveis).	69
Tabela 5. Contribuição relativa dos caracteres para divergência entre os acessos.	70

RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
CAPÍTULO 2	
Figura 1. Distribuição das parcelas na área do experimento.	24
Figura 2. Balanço Hídrico, EEA-UFRGS, Eldorado do Sul.	25
Figura 3. Vista geral do experimento (A. aspensor, B. detalhe por ocasião dos cortes).	26
Figura 4. Efeito da geada, (A) comparação entre ecótipos de <i>P. notatum</i> (Bagual e André da Rocha) e (B) entre <i>P. notatum</i> e <i>P. guenoarum</i> (André da Rocha e Azulão).	36
CAPÍTULO 3	
Figura 1. Gel de agarose com bandas de DNA das diferentes populações de <i>P. notatum</i> , em análise do <i>Primer</i> OPB-12, PM (Peso Molecular).	51
Figura 2. Dendograma de similaridade genética dos acessos de <i>P. notatum</i> Flügge.	54
CAPÍTULO 4	
Figura 1. A – Disposição dos acessos de <i>P. notatum</i> e B – medições das lâminas foliares.	63

RELAÇÃO DE ABREVIATURAS

CAPÍTULO 1

AFLP: *amplified fragment length polymorphism*;
DNA: ácido desoxirribonucleico;
PCR: *polymerase chain reaction*;
RAPD: *random amplified polymorphic DNA*;
RFLP: *restriction fragment length polymorphism*;
RNA: ácido ribonucleico;

CAPÍTULO 2

DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica;
DMO: digestibilidade da matéria orgânica;
DMS: digestibilidade da matéria seca;
EEA: estação experimental agronômica;
FDN: fibra em detergente neutro;
FDA: fibra em detergente ácido;
MS: matéria seca;
PB: proteína bruta;
PV: peso vivo;
SAS: *statistical analysis system*;
UFRGS: Universidade Federal do Rio Grande do Sul;
UPF: Universidade de Passo Fundo;

CAPÍTULO 3

dATP: adenosina tri-fosfato;
dCTP: citosina tri-fosfato;
dGTP: guanina tri-fosfato;
DNA: ácido desoxirribonucleico;
dTTP: timina tri-fosfato;
PCR: *polymerase chain reaction*;
RAPD: *random amplified polymorphic DNA*;
UPGMA: *Unweighted Pair-Group Method using an Arithmetic Average*;

Capítulo 1

**CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MOLECULAR E MORFOLÓGICA E
ACESSOS DE *Paspalum notatum* Flügge e *Paspalum guenoarum* Arech.**

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MOLECULAR E MORFOLÓGICA E ACESSOS DE *Paspalum notatum* Flüge

Autor: Marcelo Gomes Steiner

Orientador: Miguel Dall'Agnol

Co-orientadora: Maria Teresa Schifino-Wittmann

RESUMO

O gênero *Paspalum* engloba várias espécies de importância forrageira para a pecuária do cone sul da América. Nele se destacam a grama forquilha (*Paspalum notatum*) e o capim Ramirez (*P. guenoarum*), pelas suas características agronômicas, qualitativas e principalmente pela alta frequência de ocorrência do primeiro em todas as principais formações campestres do sul do Brasil. Devido à importância desta espécie forrageira, este trabalho tem por objetivos a caracterização agronômica (produção de matéria seca, estacionalidade e análise bromatológica destas duas espécies), a caracterização molecular (avaliar a similaridade genética) e a caracterização morfológica de diferentes acessos de *P. notatum*. Para a caracterização agronômica, foram avaliadas na EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, 2 biótipos de *P. notatum* (André da Rocha e Bagual), 2 biótipos de *P. guenoarum* (Azulão e Baio), comparados com a cultivar Pensacola (*P. notatum* var. *saurae*). Em dois anos de avaliações, os biótipos de *P. guenoarum* foram superiores aos *P. notatum* e dentro destes, o biótipo Bagual produziu mais matéria seca que Baio e Pensacola. Com relação a estacionalidade os *P. guenoarum* se mostraram menos suscetíveis ao frio que os *P. notatum*, e entre estes, o biótipo Bagual se mostrou menos sensível ao clima. Na composição bromatológica todos foram similares, com breve vantagem para Pensacola em teor de proteína bruta. Na caracterização molecular foram analisados por RAPD 40 acessos de origem amplamente diversa. As análises mostraram uma similaridade genética média de 0,26 (Jaccard), com variação de zero a 0,80. Os marcadores RAPD foram eficientes em distinguir geneticamente os acessos, os quais foram agrupados em sete grupos de similaridade, revelando alta variabilidade genética. Finalmente na caracterização morfológica, foram avaliados 41 acessos de *P. notatum* da mesma coleção da análise molecular, onde foram avaliados diversos caracteres distribuídos entre bainha, folhas, hastes floríferas, inflorescências e habito da planta. Os resultados mostraram, através da estimativa da distância de Mahalanobis, que a maior distância entre dois acessos foi de 84,31, sendo a menor distância 1,61. As características que tiveram maior contribuição relativa para a divergência genética com 60%, foram, comprimento do racemo, comprimento da espiguetta, largura de folha e comprimento de folha.

¹. Dissertação de Mestrado em Zootecnia – Plantas Forrageiras, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (138 p.) Junho, 2005.

MOLECULAR, AGRONOMIC AND MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF *Paspalum notatum* Flüggé ACCESSES

Author: Marcelo Gomes Steiner

Adviser: Miguel Dall'Agnol

Co-Adviser: Maria Teresa Schifino-Wittmann

ABSTRACT

The genus *Paspalum* encompasses many important forage species for the cattle industry in Rio Grande do Sul. In this group one of the most important is *P. notatum*, a species with a large geographic distribution and which presents many ecotypes. This work has the objectives to make the molecular, agronomic and morphological characterization of different accesses of *P. notatum*. The agronomic characterization was performed at the EEA-UFRGS, located at Eldorado do Sul and evaluated 2 promising accesses (André da Rocha e Bagual), 2 accesses of *P. guenoarum* (Baio e Azulão) and the commercial cultivar Pensacola (*P. notatum* var. *saurae*). During 2 years of evaluations, the accesses of *P. guenoarum* were better in forage production than *P. notatum* and the Bagual access outyielded the Baio and Pensacola accesses. In relation to yield distribution, the *P. guenoarum* accesses were less cold sensitive than the others. All the accesses were similar in relation to CP, ADF and NDF. In the molecular characterization, 40 accesses from different regions were analyzed by RAPD markers. The results showed a genetic similarity (Jaccard Index) ranging from 0,0 to 0,80. The accesses were grouped into seven different similarity groups, revealing a high genetic variability. The use of RAPD markers was efficient in distinguishing genetically all the accesses. Finally, the morphological characterization analyzed 41 accesses of *P. notatum* from the same collection described above and the characters evaluated were related to leaf (blade and sheath), inflorescence and growth habit. The results showed through the Mahalanobis estimate of genetic distance, that the biggest distance between two accesses was 84,31, while the smallest was 1,61. The characters with the largest contribution to the genetic divergence, contributing with around 60%, were the raceme and spikelet length and leaf length and width.

¹ Master of Science dissertation in Forrage Science, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (138 p.) June, 2005.

1.1 INTRODUÇÃO

Por muitos anos, a produção pecuária do Rio Grande do Sul, a pastagem natural, por falta de maior conhecimento, foi sendo substituída por espécies exóticas e, até mesmo, por espécies que foram melhoradas no exterior. Um grande exemplo disto foi a introdução do tão conhecido capim Pensacola (*Paspalum notatum* var. *saurae*), principalmente, na região sul do país; além de muitas outras espécies, que hoje se constituem como verdadeiras fontes de preocupação quanto à sua agressividade em sobrepor os campos naturais e seu baixo valor forrageiro como o capim Anoni 2 (*Eragrosthis plana* Nees.).

Embora as pastagens naturais do Rio Grande do Sul sejam ricas em diversidade de espécies com bom potencial forrageiro, a escassez de estudos aprofundados sobre estas contribuiu para que os produtores, desejosos em aumentar o índice de desfrute e, conseqüentemente, obter maior retorno econômico, semeassem em suas propriedades espécies tidas como excelentes forrageiras, porém, não adaptadas à nossa região.

Neste estudo será realizada a caracterização morfológica paralelamente com a caracterização molecular de acessos (populações/cultivares) de Grama Forquilha (*Paspalum notatum* Flüggé, $2n = 4x = 40$, tetraplóide apomítico) e compará-los com o capim Pensacola (*Paspalum notatum* var. *saurae*, $2n = 2x = 20$, diplóide sexual).

A forma mais comum e prática de se fazer a caracterização de uma planta é através da avaliação morfológica. Porém, ao avaliarmos espécies muito similares ou materiais de uma mesma espécie, a utilização de marcadores moleculares surge como alternativa muito adequada. A disponibilidade das tecnologias de marcadores moleculares torna possível a detecção de polimorfismo genético ao nível de DNA.

A tendência geral do melhoramento genético de plantas é a integração das técnicas clássicas com as mais modernas da biotecnologia, levando-se em consideração as vantagens e limitações de cada uma delas. Neste contexto, a tecnologia de marcadores moleculares pode contribuir significativamente para o conhecimento básico da cultura e do caráter estudado, e para a geração e desenvolvimento de produtos melhorados (Ferreira & Grattapaglia, 1996).

1.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A pastagem nativa do Rio Grande do Sul representa cerca de 37% da área total do estado e nela são encontradas ao redor de 400 espécies de gramíneas e mais de 150 espécies de leguminosas, formando comunidades agrostológicas das mais variadas composições em concordância com as características ecológicas onde vegetam (Boldrini, 1993). Em certas regiões, por sua composição botânica, alinha-se entre as melhores do mundo, em termos qualitativos. Proporções significativas da produção destas pastagens são atribuídas à presença de biótipos de *Paspalum notatum* (Soares, et. al., 1986).

O gênero *Paspalum* é um dos mais importantes dentro da tribo *Paniceae*, devido ao elevado número de espécies que apresenta e à sua ampla distribuição geográfica habitando, principalmente, regiões tropicais e subtropicais da América, com poucas espécies na África e Ásia. A falta de um estudo taxonômico global para este gênero faz com que seja difícil estimar na atualidade o número total de espécies (Aliscioni, 2002). Contudo, é de conhecimento geral que compreende mais de 400 espécies tropicais e subtropicais, cuja importância é evidenciada por sua adaptabilidade a diferentes ecossistemas. Esta grande diversidade genética existente é importante por assegurar maior estabilidade ao ecossistema (Strapasson et. al., 2000).

De acordo com Barreto (1974), as espécies do gênero *Paspalum*, no Rio Grande do Sul, são freqüentes e numerosas constituindo componentes obrigatórios de todas as formações campestres. O seu estudo, portanto, é importante não só para o conhecimento das pastagens naturais do estado, como também para buscar espécies com características agrônômicas desejáveis e passíveis de utilização em programas de seleção e melhoramento genético, além de poderem ser empregadas diretamente para formar pastagens cultivadas.

O gênero *Paspalum* ocupa um lugar destacado entre as gramíneas brasileiras, não só por englobar o maior número de espécies nativas mas, também, por reunir o maior número de espécies com bom valor forrageiro. Suas espécies ocorrem em, praticamente, todas as comunidades herbáceas nos distintos ecossistemas do país; sendo dominantes e responsáveis pela produção da maior parcela da forragem disponível em muitas dessas formações vegetais (Valls, 1987).

De acordo com Prestes et al. (1976), o gênero *Paspalum* apresenta importante valor agrônômico, servindo como base alimentar para bovinos além de que suas sementes são importantes fontes alimentares para pássaros. As espécies de *Paspalum* apresentam uma maior resistência quanto ao frio, produção de forragem anual e de proteína bruta, quando comparadas a outras gramíneas nativas do Rio Grande do Sul.

Praticamente 75% das espécies de *Paspalum* conhecidas, ocorrem no Brasil, fazendo parte das mais variadas formações vegetais em diferentes condições ecológicas. Assim, são conhecidas espécies tipicamente

hidromórficas nos grandes rios da Amazônia; espécies xerófilas nas condições de “Cerrado” do Centro e Nordeste; espécies esciófilas, fazendo parte dos estratos inferiores das formações selváticas; espécies caracteristicamente heliófilas comuns nos “campos” de todo o país; espécies psamófilas como componentes das primeiras etapas de sucessão vegetal litorânea e espécies casmófilas como representantes das xeroseres. Praticamente não se consegue identificar uma formação vegetal brasileira sem que haja uma espécie de *Paspalum* fazendo parte de seus componentes (Barreto, 1974). Conforme este autor, no Rio Grande do Sul as espécies de *Paspalum* estão distribuídas por todas as Regiões Fisiográficas e fazem parte de todas as formações campestres. Aproximadamente 70 entidades taxonômicas foram constatadas com distribuição ampla e, muitas vezes, particularizadas.

A maioria das espécies do gênero *Paspalum* são apomíticas poliplóides, principalmente tetraplóides. Tetraplóides apomíticos usualmente mostram associações de cromossomos quadrivalentes na meiose. Porém, a maior parte das espécies apomíticas tetraplóides tem, em contrapartida, co-específicos sexuais, diplóides e auto-incompatíveis (Quarin & Norrmann, 1990). De grande interesse, principalmente para a área subtropical, o grupo *Notata* é composto de espécies diplóides, tetraplóides e hexaplóides, com ocorrência de apomixia e de sexualidade. Várias espécies apresentam mais de um nível de ploidia (Valls & Pozzobon, 1987).

Paspalum notatum tetraplóide é uma das mais presentes espécies das pastagens nativas do sul do Brasil, Uruguai, nordeste da Argentina e sul do Paraguai (Quarin et al., 1984). Conforme Barreto (1974), *Paspalum notatum*

Flügge (suas diferentes “formas”) caracteriza-se como a espécie mais comum e freqüente, sendo responsável por 20 a 40% da cobertura herbácea da maioria das pastagens naturais do Rio Grande do Sul. Segundo Pozzobon et al. (1997), *Paspalum notatum* Flügge é uma das espécies mais comuns deste gênero no sul do Brasil, e sua importância como forrageira subtropical é amplamente aceita, apresentando boa qualidade de forragem, alta resistência ao pastejo e ao pisoteio dos animais. Valls (1987) afirma que, graças ao bom valor forrageiro e à rapidez de estabelecimento de uma densa cobertura do solo, inúmeros acessos de *P. notatum* têm sido incorporados a experimentos de cunho agrônomico e a cultivares comerciais da espécie, algumas das quais pertencem à variedade *saurae*, eventualmente, separada como espécie distinta.

Paspalum notatum Flügge possui, na sua região de origem, variedades e biótipos que merecem ser estudados sob ponto de vista de produção quantitativa e qualitativa da forragem, com a finalidade de verificar a viabilidade de utilização de novas forrageiras capazes de solucionar problemas de nutrição animal em cada região (Soares, 1977).

De acordo com Barreto (1974), *Paspalum notatum* é uma espécie polimorfa, comum a todas as pastagens naturais dos países de clima quente e temperado da América. Assim, em diferentes condições ecológicas ocorrem formas também diversas desta importante espécie. Os caracteres mais importantes que permitem diferenciar estas formas, estão relacionados com: aspecto, vigor, dimensões e pilosidade das folhas; altura dos colmos floríferos, número e comprimento dos racemos, dimensões e coloração das espiguetas.

O Rio Grande do Sul abriga uma dezena de biótipos de *P. notatum*, bastante distintos em morfologia, todos tetraplóides e, provavelmente, apomíticos, alguns dos quais se estendem mais ao norte do país, onde predomina a forma com folhas mais largas, conhecida como “grama batatais”. As formas distintas de *P. notatum* são, geralmente, alopátricas ou ocupam nichos distintos nos campos naturais (Valls & Pozzobon, 1987). Como afirma Prates (1977), *Paspalum notatum* é uma gramínea importante, pois é a espécie mais freqüente das pastagens naturais, devendo ser melhor estudada no que diz respeito a sistemas de manejo e doses de adubação.

As plantas diplóides de *P. notatum*, geralmente incluídas na variedade *saurae*, são sexuais. A ocorrência natural de plantas diplóides da espécie no Brasil é duvidosa (Valls & Pozzobon, 1987). A cultivar Pensacola oriunda de populações introduzidas, acidentalmente, nos Estados Unidos, advindas da Argentina, foi cultivada em grande escala no Rio Grande do Sul, principalmente, na região do Planalto. Esta merece ser comparada, sob o ponto de vista de produção e valor forrageiro, com os biótipos nativos; constituindo-se numa forrageira de excelente aceitação. Deve-se isto à facilidade de estabelecimento da cultura, através de sementes, característica forma de crescimento perfeitamente adaptada ao pastoreio e às inegáveis qualidades de aceitabilidade e valor forrageiro (Barreto, 1974).

Prestes et. al. (1976), estudando no Rio Grande do Sul cinco biótipos de *Paspalum notatum* Flügge, alguns com hábito rizomatoso e outros cespitosos, observaram diferenças morfológicas entre estes, permitindo desta maneira a sua caracterização.

Segundo Otero (1961), em solos férteis a grama forquilha apresenta aspecto viçoso é verdejante e produtiva, enquanto que nos solos arenosos e pobres, em geral, tem crescimento insignificante parecendo dura, seca, raquítica e pálida. Nos solos arenosos pode apresentar-se pilosa, recebendo a denominação de grama peluda.

Em áreas mais erodidas e lixiviadas o *P. notatum* var. *comum* exerce seu pioneirismo, desenvolvendo-se bem, colonizando solos mais secos e promovendo maior cobertura do solo. Pela sua amplitude de adaptação, a imagem das áreas mais críticas permanece ligada à espécie. A sua propagação vegetativa inicialmente é lenta, estendendo os estolões, formando um denso gramado rasteiro, solidamente fixado ao solo, desenvolvendo uma estrutura de pastagem difícil de ser invadida por outras espécies e tendendo a ser dominante (Boldrini, 1993).

Prates (1977), ao comparar a produção de matéria seca, de proteína bruta total, de matéria seca de raízes e de resteva, de dois biótipos de *P. notatum* com uma variedade de *P. notatum* var. *saurae* (Pensacola) observou que, em quase todos os aspectos, os dois biótipos nativos foram superiores, exceto em produção de proteína bruta.

Segundo Mott & Moore (1977), cerca de 80% das pastagens da Flórida (EUA) são constituídas pelas gramas forquilha, sendo sua maior utilização em pastagens permanentes, com alguma porção na forma de feno. Conforme Mislevi & Dunavin (1993), de 85 a 90% da sua produção anual ocorre nos meses de primavera e verão, com somente 10 a 15% durante os dias curtos de outono-inverno.

Quarin (1984), estudando espécies do gênero *Paspalum*, indicou que estas plantas são apomíticas facultativas, com uma relativamente alta expressão sexual. Em virtude de muitos reconhecerem tetraplóides naturais como apomíticos obrigatórios, esta alta proporção de plantas sexuais, expande o potencial de uso do *P. notatum* tetraplóide em programas de hibridização, com o uso de mães sexuais, polinizadas com pólen de plantas apomíticas.

Zanettini et al. (2003), citam que, de modo semelhante, nas espécies de autofecundação, a reprodução assexual tende a formar populações com baixa variabilidade, mas com alta divergência interpopulacional.

Trabalhando com *P. notatum* diplóide, Ortiz et al.(2001) observaram um nível significativo de polimorfismo entre as plantas, proporcionando a geração de um mapa de população. Foram aplicados marcadores RFLP (*restriction fragment length polymorphism* – polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição), RAPD (*random amplified polymorphic DNA* – DNA polimórfico amplificado randomicamente) e AFLP (*amplified fragment length polymorphism* – polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados) na construção, combinação e associação dos grupos, que permitiram a utilização de marcadores segregantes, os quais segregaram para um ou entre dois pais do mapa de cruzamento. Ortiz et al. (2001) também afirmaram que a combinação da informação genética das diferentes populações é possível quando existem marcadores polimórficos comuns. Desta forma, a combinação do mapa que foi construído e dos marcadores baseados nos pais, formaram um mapa com um grande número de informações.

A geração de marcadores com o uso de RFLP, RAPD e AFLP, mostrou um alto nível de polimorfismo e potencial utilidade para formação de espécies pela pesquisa científica (Ortiz et al., 2001). Segundo Federizzi (1998), os marcadores moleculares apresentam vantagens como a identificação direta do genótipo sem sofrerem a influência do ambiente ou das condições de desenvolvimento das plantas, sendo possível detectar em qualquer estágio de crescimento. Os marcadores podem ser utilizados em gerações altamente segregantes, permitindo a eliminação dos genótipos indesejados nas primeiras gerações de seleção e minimizando os problemas associados aos métodos de melhoramento clássico como trabalho, tempo e logística. Marcadores moleculares têm imensas vantagens sobre marcadores morfológicos porque estes últimos apresentam características que, muitas vezes, os tornam inadequados. Eles são freqüentemente controlados por genes dominantes, não permitindo a distinção entre heterozigotos e homozigotos dominantes (Cavalli, 2003). De acordo com Milach (1998), marcadores moleculares são características de DNA que diferenciam dois ou mais indivíduos e são herdadas geneticamente. Os distintos tipos de marcadores moleculares hoje disponíveis diferenciam-se pela tecnologia utilizada para revelar variabilidade a nível de DNA. A utilização de marcadores moleculares na análise de variabilidade tem um grande número de aplicações práticas. A classificação de genótipos em grupos de similaridade genética tem sido realizada em diversas espécies (Neto & Bered, 1998).

O uso das técnicas moleculares permite identificar o polimorfismo diretamente do DNA e associar a genes de grande efeito (caracteres

qualitativos). Marcadores de DNA que estão ligados a caracteres quantitativos podem ser identificados e seguidos nas populações segregantes de forma segura. Para muitas espécies, marcadores moleculares ligados a caracteres quantitativos de importância já foram identificados (Federizzi, 1998). A tecnologia de marcadores moleculares viabiliza a caracterização genética de grande número de genótipos através de procedimentos relativamente simples e rápidos (Neto & Bered, 1998).

Conforme Federizzi (1998), a área de maior impacto dos marcadores moleculares seria a seleção e a identificação de genótipos superiores em populações segregantes. A utilização de marcadores moleculares na seleção requererá o preenchimento de alguns pré-requisitos como: a) o marcador de DNA deve co-segregar ou estar proximamente ligado ao gene / característica de interesse; b) a técnica deve ser eficiente e de baixo custo para a avaliação de um grande número de genótipos como rotina nos programas de melhoramento; c) a técnica tem que ser reproduzível e de uso fácil. Uma vez atendidos os pré-requisitos, os marcadores de DNA poderão ser amplamente utilizados nos programas de melhoramento genético, pois permitirão a seleção pelo genótipo com grande eficiência e precisão.

Os melhoristas têm, a cada ano, milhares de genótipos para selecionar; assim sendo, é fundamental que a análise por marcadores moleculares seja realizada de maneira não destrutiva, rápida e com baixo custo. Convém destacar que as características botânicas de cada espécie são fundamentais na implementação da seleção assistida por marcadores moleculares, sendo relevante apontar que espécies perenes e de propagação

vegetativa podem ser preferenciais para esta metodologia de melhoramento (Neto, 1998). A possibilidade única de marcar genes de importância, sejam eles qualitativos ou quantitativos, através de marcadores moleculares possibilitará o mapeamento gênico e o estabelecimento de relações entre espécies sexualmente incompatíveis (Federizzi, 1998).

A classe de marcadores identificados por amplificação de DNA está baseada na reação em cadeia da polimerase ou PCR (“Polymerase Chain Reaction”). As técnicas baseadas em PCR diferenciam-se, principalmente, nos tipos de *primers* e géis utilizados para a resolução dos fragmentos de DNA, além de outros detalhes. Em comparação com as técnicas que envolvem hibridização de DNA, as de PCR, geralmente, são de custo menor, menos elaboradas, algumas mais fáceis de implementar na rotina de programas de melhoramento e de menor tempo para a obtenção dos resultados (Milach, 1998).

Segundo Grattapaglia & Ferreira (1996), com o advento de técnicas bioquímicas e moleculares, baseadas na análise de polimorfismo de enzimas e mais tarde de fragmentos de DNA, possibilitou a rápida proliferação do uso de marcadores moleculares no estudo de aspectos básicos de genética vegetal bem como em programas de melhoramento genético. Mesmo antes que a correlação entre um ou mais marcadores moleculares e locos genéticos que controlam características de interesse agrônômico seja estabelecida, a disponibilidade de uma bateria de marcadores moleculares, por si só, já permite empreender imediatamente uma série de estudos importantes dentro

de um programa de melhoramento. De um modo geral, diversas são as aplicações como, por exemplo, a identificação e a discriminação de genótipos.

Segundo Cavalli (2003), os marcadores moleculares caracterizam-se por estarem baseados nos produtos da expressão de genes, como proteínas e enzimas, ou por estarem baseados na análise do fenótipo molecular, oriundo de fragmentos específicos das moléculas de DNA e RNA.

O desenvolvimento de mapas genéticos é considerado uma das aplicações de maior impacto da tecnologia de marcadores moleculares. No contexto de melhoramento de plantas, os mapas genéticos possibilitam: (1) cobertura e análise completa de genomas; (2) decomposição de características genéticas complexas nos seus componentes Mendelianos; (3) localização das regiões genômicas que controlam caracteres de importância; (4) quantificação do efeito destas regiões na característica estudada; (5) canalização de toda esta informação para uso em programas de melhoramento (Grattapaglia & Ferreira, 1996).

A construção de mapas genéticos em plantas tem sido objeto de estudos desde as primeiras décadas do século passado. A limitação encontrada pelos geneticistas pioneiros em mapeamento foi à exigüidade de marcadores morfológicos. Em algumas espécies, entretanto, a ocorrência de um grande número de mutações permitiu que mapas genéticos, razoavelmente estruturados, fossem obtidos (Oliveira, 1998).

Houve um grande avanço na utilização de marcadores moleculares com a utilização de *primers* mais curtos e de seqüência arbitrária, sendo criado assim o RAPD, com as seguintes aplicações: a) obtenção de *fingerprints*

genômicos de indivíduos, variedades e populações; b) análise da estrutura e diversidade genética em populações naturais, populações de melhoramento e bancos de germoplasma; c) estabelecimento de relacionamentos filogenéticos entre diferentes espécies; d) construção de mapas genéticos e localização de genes de interesse econômico (Grattapaglia & Ferreira, 1996).

Marcadores RAPD são capazes de detectar extenso polimorfismo em DNA de cópia simples e repetitivo. RAPD são, usualmente, marcadores dominantes, com polimorfismo entre indivíduos, definidos pela presença ou ausência de uma banda particular de RAPD (Cavalli, 2003). De acordo com Milach (1998), a técnica de RAPD utiliza *primers* de seqüência arbitrária para a amplificação do DNA, sendo a técnica de menor custo, tempo e número de etapas além de ser fácil de implementar.

A reação de amplificação ocorre a partir do momento em que o *primer* encontra uma seqüência complementar à sua no DNA genômico do indivíduo a ser analisado. Assim, o polimorfismo é detectado simplesmente através de segmentos de DNA que são amplificados em uns indivíduos e não em outros. Este polimorfismo decorre de diferenças ao nível do DNA, as quais podem incluir trocas, deleções ou inserções de nucleotídeos nos sítios de anelamento dos *primers* ou entre eles. Estas alterações podem prevenir a amplificação do DNA pela falta de complementaridade entre este e o *primer* ou pela distância demasiadamente grande entre os sítios de amplificação nas duas fitas de DNA. Sendo assim, os marcadores moleculares obtidos com o uso de RAPD são denominados dominantes, pois as diferenças entre

indivíduos são inferidas pela presença ou ausência de um determinado fragmento amplificado (Cruz & Milach, 1998).

O custo da técnica RAPD é mais baixo do que o da técnica RFLP quanto ao dado genotípico. O RAPD reúne a simplicidade técnica da visualização direta dos marcadores isoenzimáticos, com poder de resolução dos marcadores de DNA. O uso desta técnica não requer experiência aprofundada em biologia molecular nem instalações sofisticadas de laboratório sendo uma tecnologia bastante acessível (Grattapaglia & Ferreira, 1996).

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27

Capítulo 2

PRODUÇÃO DE MATÉRIA SECA E CARACTERÍSTICAS BROMATOLÓGICAS DE *Paspalum notatum* Flüggé E *Paspalum guenoarum* Arech.

1 PRODUÇÃO DE MATÉRIA SECA E CARACTERÍSTICAS

2 BROMATOLÓGICAS DE *Paspalum notatum* Flüggé E *Paspalum guenoarum*

3 Arech.¹

4 Marcelo Gomes Steiner², Carlos Nabinger³, Maria Teresa Schifino-Wittmann⁴,

5 Simone S. B. Meredith⁵, Miguel Dall'Agnol⁶.

6 2.1 RESUMO

7 O gênero *Paspalum* engloba várias espécies de importância para a pecuária do Rio
 8 Grande do Sul. Dentre estas espécies podem ser destacadas *P. notatum* Flüggé e *P.*
 9 *guenoarum* Arech. Os objetivos deste trabalho foram avaliar a produção e a
 10 estacionalidade de produção de forragem de dois acessos de *P. guenoarum* (Azulão e
 11 Baio) e dois acessos de *P. notatum* (André da Rocha, e Bagual) em comparação com a
 12 cultivar Pensacola (*P. notatum* var. *saurae*). As avaliações foram realizadas durante dois
 13 anos, sendo efetuados quatro cortes por ano. As produções totais de Matéria Seca (MS)
 14 de folhas de *P. guenoarum* foram maiores que as *P. notatum*. Em relação à produção
 15 total de MS, os *P. guenoarum* produziram mais que os *P. notatum*. Com relação à
 16 estacionalidade de produção, um acesso de *P. guenoarum* apresentou maior produção de
 17 MS no outono que os *P. notatum*. Os *P. guenoarum* apresentaram menor crestamento
 18 por geadas que *P. notatum*, indicando uma maior tolerância ao frio. A análise
 19 bromatológica revelou teores de proteína bruta (PB) de 15,57% para a cultivar
 20 Pensacola, 15,36, 14,7, 14,49 e 14,26 para os acessos Bagual, Azulão, André da Rocha e
 21 Baio, respectivamente. Em relação ao teor de FDN os acessos apresentaram teores de
 22 68,78% Azulão, 70,47 André da Rocha, 70,55 Baio, 70,6 Bagual e a cultivar Pensacola
 23 70,64. Para FDA, foram encontrados teores de 38,07% Pensacola, 39,11 Bagual, 39,29
 24 André da Rocha, 40,35 Azulão e 43,24 Baio. Os resultados nos dois anos de avaliação
 25 mostram que os *Paspalum guenoarum* produzem mais massa de forragem que
 26 *Paspalum notatum*. O acesso de Bagual produz mais massa de forragem que a cultivar
 27 Pensacola. Todos os materiais nativos estudados apresentaram características que os
 28 tornam capazes de substituir com vantagens o material importado.

29 **Palavras-chave:** Estacionalidade, *Paspalum notatum*; Produção de Matéria Seca.

30

31 ¹ Artigo escrito nas normas da **Revista Brasileira de Zootecnia (RBZ)**

32 ² Eng. Agrônomo, Mestre em Zootecnia, PPG-Zootecnia/UFRGS. Bolsista CAPES. e-mail:
 33 mgsteiner@pop.com.br

1 ³ Eng. Agrônomo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
2 UFRGS, Av.: Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil.

3 ⁴ Biólogo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
4 UFRGS, Av.: Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil. e-mail: @ufrgs.br.

5 ⁵ Eng. Agroônoma, Doutora, Professora UPF, Instituto de Ciências Biológicas, 99001-970. Passo Fundo.

6 ⁶ Eng. Agrônomo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
7 UFRGS, Av.: Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil. e-mail:
8 miguel@ufrgs.br. Autor para correspondência.
9

10 **Dry Matter Yield and Forage Quality of *Paspalum notatum* Flüggé and *Paspalum*** 11 ***guenoarum* Arech.**

12 **2.2 ABSTRACT**

13 The genus *Paspalum* encompasses many important species for the beef industry
14 of Rio Grande do Sul. Among then, *P. notatum* Fluggë and *P. guenoarum* Arech are
15 some of the most important ones. The objectives of this work were to evaluate the
16 forage yield and distribution and forage quality of two *P. guenoarum* (Azulão and Baio)
17 and two *P. notatum* accesses (André da Rocha and Bagual) in comparison with the
18 cultivar Pensacola (*P. notatum* var. *saurae*). The evaluations were performed during
19 two years and were made four cuts during the experimental period. The total leaves
20 yield of the two *P. guenoarum* accesses was bigger than those of the *P. notatum*
21 accesses. In relation to the total forage yield, again the *P. guenoarum* accesses were
22 better than the *P. notatum* accesses. The forage distribution of one *P. guenoarum* access
23 was bigger than those presented by the *P. notatum* accesses. The *P. guenoaraum* accesses
24 presented lower frost damage than those presented by the *P. notatum* accesses, pointing
25 out to a higher cold tolerance. The quality analysis showed crude protein values of
26 15,57% for the Pensacola and 15,36%, 14,7%, 14,49 and 14,26 for the accesses Bagual,
27 Azulão, André da Rocha and Baio, respectively. In relation to the NDF content, the
28 accesses had values of 68,78% (Azulão), 70,47% (André da Rocha), 70,55% (Baio),
29 70,6% (Bagual) and the cultivar Pensacola 70,64%. The ADF values were 38,07%
30 (Pensacola), 39,11% (Bagual), 39,29% (André da Rocha), 40,35 Azulão and 43,24%
31 (Baio). The results obtained in two years of evaluation show that the accesses of
32 *P. guenoarum* presented a better forage yield than those present by the *P. notatum*
33 accesses. The access Bagual presented a better forage yield than the Pensacola cultivar.

34 **Key words:** Dry matter, *Paspalum notatum*, Yield distribution
35
36

2.3 Introdução

1 As diversas espécies do gênero *Paspalum* ocorrem em, praticamente, todas as
2 comunidades herbáceas de distintos ecossistemas do país, sendo em muitas dessas
3 formações vegetais, dominantes e responsáveis pela produção da maior parte da
4 forragem disponível. *Paspalum notatum* (grama forquilha) no Rio Grande do Sul,
5 segundo Maraschin (2001), é a espécie com maior cobertura da vegetação herbácea das
6 pastagens nativas, produzindo forragem da primavera ao outono. Bem adaptada ao
7 pastejo, resiste ao pisoteio, pois seus rizomas, cobertos pelas bainhas, encontram-se
8 protegidos e cedo, emitem novas folhas, estimulados pelas temperaturas de primavera.

9 A grama forquilha é uma gramínea perene, formando denso gramado de 20 a 40
10 cm de altura, muito resistente ao pisoteio, corte e pouco exigente quanto à qualidade do
11 solo (Otero, 1961). Conforme Araújo (1942), as espécies de porte baixo e rizomatosas
12 que cobrem o solo tendem a substituir as cespitosas pouco a pouco, transformando os
13 campos em gramados. Nestes, uma das espécies predominantes é a grama-forquilha,
14 onipresente no sul do Brasil, Paraguai, Uruguai e nordeste argentino; também
15 encontrada em regiões do Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Vale do Paraíba, Minas
16 Gerais, São Paulo e Rio de Janeiro. Recebe denominações comuns como grama
17 forquilha no Rio Grande do Sul (RS), gramilla blanca no Uruguai e Argentina,
18 Bahiagrass nos EUA, cana mazo em Cuba, grama batatais e grama de São Sebastião em
19 São Paulo, que indicam a sua importância e revelam sua utilização (Maraschin, 2001).
20 A grama-forquilha, a princípio, alastra-se lentamente, estendendo os rizomas, formando
21 um denso gramado, muito rasteiro, solidamente fixado ao solo. Quando todo o terreno
22 fica ocupado, então a grama cresce em altura até 30 a 40 cm.

23 De acordo com Otero (1961), a grama forquilha é uma forrageira que fornece boa
24 forragem da primavera ao outono, uma vez que no inverno, devido ao frio ou seca, fica
25 crestada, principalmente, nos estados do sul do Brasil e no Uruguai.

1 *Paspalum guenoarum* Arech. também é uma espécie nativa nas regiões
2 subtropicais e temperadas do sul do Brasil, Argentina e Paraguai. No Rio Grande do Sul
3 ocorre em condições de campos protegidos na Depressão Central, Encosta da Serra do
4 Sudeste, Campos de Cima da Serra e Planalto (Barreto, 1974). Araújo (1971) descreveu
5 o *Paspalum guenoarum* como uma espécie nativa, perene, cespitosa, de altura até 100-
6 150 cm, robusta, crescendo nos banhados e, quando muito crescida, comida pelo gado
7 na rebrotação. No entanto, por crescer depressa se torna logo não palatável. Por outro
8 lado, Pedreira et al. (1975) a descrevem como uma espécie de desenvolvimento inicial
9 lento, muito palatável aos animais, tolerante ao frio e à seca, e apresentando boa
10 distribuição da produção de forragem durante o ano. Paim e Nabinger (1982) estudaram
11 dois biótipos de *P. guenoarum*, Azulão e Baio, e verificaram excelentes produções de
12 matéria seca, além de bons teores de proteína bruta.

13 Em função do potencial apresentado por essas espécies, os objetivos deste
14 trabalho foram avaliar a produção e a estacionalidade de produção de forragem e avaliar
15 a qualidade bromatológica em comparação com a cultivar Pensacola, *P. notatum* var.
16 *saurae*.

17 **2.4 Material e Métodos**

18 O experimento foi estabelecido no mês de outubro de 2003 em uma área do
19 departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia, na Estação Experimental da
20 Faculdade de Agronomia da UFRGS (30°05'S de latitude, 51°39'W de longitude, 40 m
21 de altitude), localizada no município de Eldorado do Sul. Foi utilizada uma área de
22 aproximadamente 70m², subdividida em 20 parcelas de 2,0m x 1,5m, onde foram
23 avaliados cinco genótipos, sendo estes plantados na forma de mudas.

24 Segundo Streck et al. (2002), o solo da área pertence à unidade de mapeamento
25 “São Jerônimo”, classificado como Argissolo Vermelho Distrófico Típico – Pvd. De

1 acordo com a análise do solo realizada em janeiro de 2003, o solo apresentava pH (H₂O)
2 de 6,2; índice SMP de 6,6; 1,4 mg/L de fósforo; 81mg/L de potássio; 1,8% de matéria
3 orgânica; ausência de alumínio; 2,2 cmol_c/L de cálcio e 1,3 cmol_c/L de magnésio. O
4 solo foi, então, corrigido com 160 kg/ha de P₂O₅ sob a forma de superfosfato simples e
5 60 kg/ha de K₂O sob a forma de cloreto de potássio, segundo as Recomendações da
6 Comissão de Fertilidade do Solo (Recomendações, 2000). O solo foi preparado do
7 modo convencional, com uma aração e duas gradagens.

8



9

10 Figura 1. Distribuição das parcelas na área do
11 experimento.

12 Figure 1. Plots distribution in the experimental area.

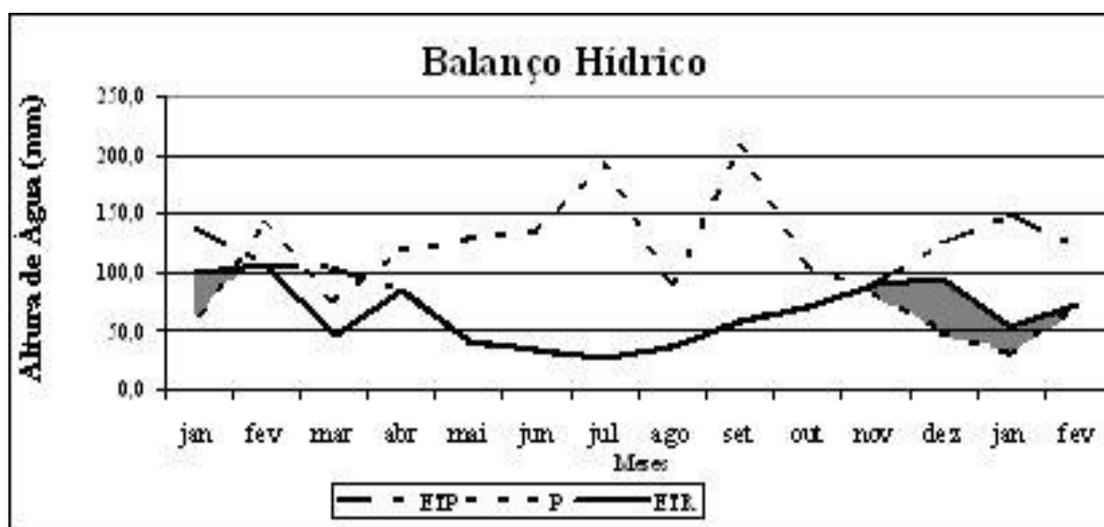
13

14 Foram utilizados cinco acessos de *Paspalum*, três de *P. notatum* e dois de *P.*
15 *guenoarum*. De *P. notatum* foram utilizados os acessos André da Rocha (obtido no
16 município homônimo), Bagual (de origem desconhecida, sabendo-se apenas que foi
17 coletado na Região do Planalto Médio do RS) e a cultivar Pensacola, (obtida junto a
18 uma propriedade rural no Município de Viamão, RS). No caso de *P. guenoarum* ambos
19 os biótipos Baio e Azulão, foram obtidos na EEA-UFRGS em Eldorado do Sul, em área
20 da antiga coleção do projeto S3CR11.

21 Segundo a classificação climática de Köppen, o clima da região onde está situada
22 a EEA da UFRGS pertence à variedade específica Cfa (subtropical úmido, com verão

1 quente). De acordo com a classificação de Thornthwaite caracteriza-se pela fórmula
 2 $B_{1r}B'_{3a}$ (mesotérmico úmido, com pouca deficiência hídrica e com evapotranspiração
 3 no verão inferior a 48% do total anual). As médias mensais de temperatura têm variação
 4 entre 9 e 25°C , considerando-se que os meses de janeiro e fevereiro são os mais
 5 quentes e junho e julho os mais frios. Analisando-se os dados meteorológicos obtidos
 6 em Bergamaschi (2004) e Bergamaschi et al. (2003), supõe-se que houve a incidência
 7 de pelo menos cinco geadas entre os meses de maio e junho de 2003 em função das
 8 temperaturas ocorridas.

9 Considerando dados climáticos de 30 anos (1970-2000), a precipitação média total anual é de 1445,8mm, com média mensal de
 10 125,5mm, sendo os meses de inverno os mais chuvosos.



11 Figura 2. Balanço Hídrico, EEA-UFRGS , Eldorado do Sul, RS, 2004.

12 Figure 2. Precipitation balance, EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2004.

13

14

15

16

17

18

19

20

21

As avaliações foram realizadas através de cortes com intervalos de aproximadamente, 30 dias. No primeiro ano as datas de cortes foram: 23/01/04, 27/02, 13/04 e 21/06 e no segundo ano: 11/10/04, 17/11, 09/12 e 19/01/05.

Os biótipos de *P. notatum* foram cortados a uma altura de 2 cm do solo e os *P. guenoarum* a 10 cm. Em ambas as espécies cada corte foi realizado em uma área total de 0,5m², utilizando-se dois quadros de 0,25m². Após cada corte, as parcelas foram adubadas com 50 Kg/ha de N sob a forma de uréia.

1 No primeiro ano durante o período de avaliações, o experimento esteve com
2 disponibilidade de irrigação utilizando-se, para isso, quatro aspersores que cobriam toda
3 a área de estudo. Estes foram utilizados em alguns períodos garantindo, desta maneira, a
4 sobrevivência das plantas nas parcelas. Entretanto, durante o segundo ano, o
5 experimento não foi irrigado.

6



7

8 Figura 3. Vista geral do experimento (A) e detalhe de uma parcela (B).

9 Figure 3. General view of the experiment (A) and a close-up of a plot (B).

10 O material colhido no campo era pesado em balança de precisão (1,0 g) e
11 separado em lâminas foliares verdes, colmos, inflorescências, material morto e outras
12 espécies, sendo devidamente identificado e levado à estufa onde secava a uma
13 temperatura de 65°C quando, então, era pesado separadamente.

14 A análise da composição bromatológica é referente, somente, ao quarto corte do
15 primeiro ano, quando foram analisadas apenas as folhas. Estas foram maceradas em
16 moinho e remetidas ao Centro de Pesquisa em Alimentação (CEPA) da UPF, em Passo
17 Fundo, onde foram analisados pelo método de espectrometria no infravermelho
18 proximal (NIRS).

19 Para a análise estatística do experimento, foi utilizado o delineamento
20 completamente casualizado, com cinco tratamentos (biótipos) e quatro repetições. Os
21 resultados obtidos foram analisados com ajuda do pacote estatístico SAS (SAS, 1999) e

1 quando houve significância para o teste F, foi aplicado o teste de Tukey com 5% de
2 probabilidade.

3 2.5 Resultados e Discussão

4 Os resultados da produção de matéria seca (MS) dos cortes realizados durante os
5 dois anos consecutivos encontram-se nas tabelas (1 e 2). Como já descrito
6 anteriormente, o material foi separado em diferentes frações (folha, colmo,
7 inflorescência e material morto), visando uma melhor caracterização. Esta separação foi
8 realizada devido à dieta animal ser composta principalmente de lâminas foliares, sendo
9 que o consumo de colmos e inflorescências ocorre somente após os consumos das
10 folhas.

11 Tabela 1. Produção de matéria seca no primeiro ano (2003-2004) dos diferentes biótipos
12 em Kg/ha, Eldorado do Sul, 2004.

13 Table 1. Dry matter yield in the first year (2003-2004) of the different biotypes, kg/DM/ha, Eldorado do
14 Sul, 2004.

Espécie <i>Species</i>	Folhas <i>Leaves</i>	Colmos <i>Stems</i>	Inflorescências <i>Flowers</i>	Mat. Morto <i>Dead material</i>	Total <i>Total</i>
Pensacola	4559 c*	1228 c*	2840 b*	190 c*	8816 c*
A Rocha	6931 b	661 c	1018 c	529 bc	9138 c
Bagual	7812 b	2345 bc	4009 a	171 c	14337 b
Azulão	11115 a	4533 ab	2121 bc	790 ab	18560 a
Baio	10501 a	5505 a	1175 c	1053 a	18243 a

15 * - Medidas seguidas de letras iguais na mesma coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey a
16 5% de significância.

17 * -Means followed by the same letter in the column did not differ by Tukey test at 5% level of
18 significance.

19
20 Na produção de folhas do primeiro ano, os dois biótipos de *Paspalum guenoarum*
21 tiveram uma produção de 11115 Kg/ha de MS (Azulão) e 10510 Kg/ha de MS (Baio),
22 significativamente superiores aos demais biótipos de *Paspalum notatum* 7812 Kg/ha de
23 MS (Bagual) e 6931 Kg/ha de MS (André da Rocha) e a cultivar Pensacola 4559 Kg/ha
24 de MS. Estes dois biótipos não diferiram estatisticamente entre si, porém diferiram
25 estatisticamente em relação a cultivar Pensacola (Tabela 1).

1 Estes resultados mostram que, em relação à produção de folhas, todos os biótipos
2 nativos foram superiores a cultivar disponível no mercado, sendo que os biótipos de
3 *Paspalum guenoarum* produziram quase três vezes mais lâminas foliares que a
4 Pensacola e os biótipos nativos de *P. notatum*, produziram ao menos uma vez e meio
5 mais quando comparados à mesma cultivar no primeiro ano.

6 Estes resultados são inferiores aos obtidos por Soares Filho et al. (2002) que
7 estudando dez gramíneas forrageiras no estado de São Paulo, relataram, na época das
8 águas, uma produção de folhas de 9770 Kg/ha de MS da cultivar Tifton 9, porém com
9 uso de 200 Kg/ha de N.

10 Com relação à produção de colmos, no primeiro ano o biótipo Baio teve a maior
11 produção de colmos (5505 Kg/ha de MS), seguida pelo biótipo Azulão (4533 Kg/ha de
12 MS) mas não diferindo estatisticamente. O biótipo Bagual produziu 2345 Kg/ha não
13 diferindo estatisticamente do biótipo Azulão. O biótipo André da Rocha e a cultivar
14 Pensacola também não diferiram estatisticamente entre si, produzindo 661 Kg/ha e 1228
15 Kg/ha de MS respectivamente. As três populações de *Paspalum notatum* não diferiram
16 estatisticamente entre si para esta característica (Tabela 1). Quanto à produção de
17 colmos, a cultivar Pensacola teve uma produção numericamente maior, embora não
18 significativa, do que o biótipo André da Rocha. Este resultado deve-se, principalmente,
19 ao tipo de hábito da planta, pois o biótipo nativo apresenta comportamento prostrado e
20 as demais plantas avaliadas, comportamento ereto. Como as plantas da mesma espécie
21 foram cortadas à mesma altura, esta diferença na sua arquitetura determinou uma menor
22 produção de colmos desta cultivar.

23 Na produção de inflorescências, o biótipo Bagual produziu 4009 Kg/ha de MS
24 sendo superior estatisticamente a todos os outros biótipos. A cultivar Pensacola
25 produziu 2840 Kg/ha não diferindo estatisticamente do biótipo Azulão (2121 Kg/ha) e

1 os biótipos André da Rocha e Baio produziram respectivamente 1175 Kg/ha e 1018
2 Kg/ha de MS, não diferindo estatisticamente (Tabela 1). Com relação à produção de
3 inflorescências os resultados obtidos mostram uma produção elevada de inflorescências
4 do biótipo Bagual, o que demonstra o grande vigor desta planta nativa, mesmo quando
5 comparada a cultivar Pensacola, e seu grande potencial de sementes, aparentemente, não
6 afetado pela produção de forragem.

7 Na produção de material morto, o biótipo Baio produziu 1053 Kg/ha de MS
8 seguido do biótipo Azulão, 790 Kg/ha, sendo que estes foram similares estatisticamente.
9 O biótipo André da Rocha produziu 529 Kg/ha de MS sendo similar estatisticamente ao
10 biótipo Azulão. Os biótipos Pensacola e Bagual produziram 190 Kg/ha e 171 Kg/ha,
11 sendo similares pelo teste estatístico juntamente com o biótipo André da Rocha (Tabela
12 1). Com relação ao material morto, chama a atenção a maior produção de material
13 morto dos biótipos de *P. guenoarum*. Estes valores devem ser atribuídos,
14 principalmente, ao manejo empregado que permitiu excessivo acúmulo de forragem e,
15 conseqüentemente, a participação de material morto na composição da forragem.

16 Com relação à produção total de matéria seca os biótipos Azulão e Baio
17 produziram, respectivamente, 18560 Kg/ha e 18243 Kg/ha de MS, não diferindo
18 estatisticamente. Por outro lado, o biótipo Bagual produziu 14337 Kg/ha, e o biótipo
19 André da Rocha e a cultivar Pensacola produziram, 9138 Kg/ha e 8816 Kg/ha de MS
20 respectivamente, sendo que estas últimas não diferiram estatisticamente.

21 As produções obtidas no segundo ano encontram-se na tabela 2. Houve uma
22 acentuada redução nos rendimentos de todos os biótipos avaliados. O principal fator foi
23 a estiagem ocorrida no período do verão de 2004/2005, que obrigou o encerramento das
24 avaliações em janeiro do segundo ano. Em função disso, o período de avaliação,
25 durando o segundo ano foi reduzido em dois meses.

1 Tabela 2. Produção de matéria seca do segundo ano (2004-2005) dos diferentes biótipos
 2 em Kg/ha, Eldorado do Sul, 2005.
 3 Table 2. Dry matter yield in the second year (2004-2005) of the different biotypes, kg/DM/ha, Eldorado
 4 do Sul, 2005.

Espécie <i>Species</i>	Folhas <i>Leaves</i>	Colmos <i>Stems</i>	Inflorescências <i>Flowers</i>	Mat. Morto <i>Dead material</i>	Total
Pensacola	4932 b*	481 b*	796 ab*	352 ab*	6561 b*
A Rocha	5138 b	397 b	315 bc	139 b	5989 b
Bagual	6201 b	293 b	1013 a	205 b	7712 b
Azulão	8279 a	2220 a	0 c	681 a	11180 a
Baio	5782 b	869 b	10 c	205 b	6866 b

5 * - Medidas seguidas de letras iguais na mesma coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey a
 6 5% de significância.

7 * - Means followed by the same letter in the column did not differ by Tukey test at 5% level of
 8 significance.

9
 10 Dessa forma, o biótipo Azulão teve uma produção de 8279 Kg/ha de MS, sendo
 11 estatisticamente superior aos outros biótipos. Estes apresentaram produções de folha de
 12 6201 Kg/ha (Bagual), 5782 Kg/ha (Baio), 5098 Kg/ha (André da Rocha) e 4932 Kg/ha
 13 (Pensacola), não diferindo estatisticamente.

14 O comportamento da produção de colmos foi semelhante ao observado com a
 15 produção de folhas do segundo ano, sendo que o biótipo Azulão produziu 2220 Kg/ha,
 16 sendo superior estatisticamente aos demais. O biótipo Baio produziu 869 Kg/ha, a
 17 cultivar Pensacola produziu 481 Kg/ha, e os biótipos André da Rocha e Bagual
 18 produziram 360 Kg/ha e 293 Kg/ha de MS, sendo que estes não diferiram
 19 estatisticamente entre si.

20 Em relação à produção de inflorescências, o biótipo Bagual mais uma vez se
 21 destacou em relação a essa característica, tendo uma produção de 1013 Kg/ha, seguido
 22 pela cultivar Pensacola com 796 Kg/ha, sendo que estes não diferiram estatisticamente.
 23 O biótipo André da Rocha produziu 278 Kg/ha, não diferindo estatisticamente da
 24 cultivar Pensacola. O biótipo Baio produziu 10 Kg/ha e o biótipo Azulão não
 25 apresentou produção de inflorescências até o último corte. Estes últimos não
 26 apresentaram diferenças estatisticamente significativas ao biótipo André da Rocha. Essa

1 baixa produção de inflorescências apresentada pelos biótipos Baio e Azulão,
2 provavelmente, foi devido à época dos cortes, que eliminou boa parte dos colmos
3 induzidos e em início de alongamento (ver produção de colmos), e, além disso, também
4 houve o efeito da seca afetando este componente. O comportamento fenotípico desses
5 biótipos foi novamente diferente dos demais em relação ao florescimento.

6 Com relação à produção de material morto, o biótipo Azulão produziu 681 Kg/ha,
7 a cultivar Pensacola teve uma produção de 352 Kg/ha, sendo que estes não tiveram
8 diferenças significativas estatisticamente. Os biótipos bagual e Baio apresentaram uma
9 produção de 205 Kg/ha cada e o biótipo André da Rocha 102 Kg/ha de MS. Estes
10 últimos junto a cultivar Pensacola não diferiram estatisticamente. Os resultados da
11 produção de material morto seguem a mesma tendência da produção de folhas.

12 No segundo ano, o biótipo Azulão obteve produção total de 11180 Kg/ha de MS,
13 sendo superior estatisticamente aos demais. Estes tiveram uma produção total de MS de
14 7609 Kg/ha (Bagual), 6866 Kg/ha (Baio), 6561 Kg/ha (Pensacola) e 6028 Kg/ha
15 (André da Rocha), não apresentando diferenças significativas estatisticamente.

16 Os resultados da produção total de matéria seca são excelentes quando
17 comparados a outros trabalhos e, sobretudo, se considerar-se que no 1º ano foi avaliada
18 a produção de verão e outono e, no 2º ano, a primavera e parte do verão. O trabalho
19 conduzido por Saibro (1971), avaliando *P. guenoarum* em misturas com outras
20 forrageiras, apresenta uma produção total de *P. guenoarum* de 3800 Kg/ha de MS,
21 numa média de três anos na EEA – UFRGS. Também trabalhando com consorciações
22 de gramíneas e alfafa, Zimmer (1978), relatou uma produção total de matéria seca de *P.*
23 *guenoarum* de 2473 Kg/ha e com a cultivar Pensacola 6705 Kg/ha. Soares Filho et. al.
24 (2002) estudando dez gramíneas forrageiras no estado de São Paulo, obtiveram na

1 estação das águas, uma produção total de matéria seca de 10940 Kg/ha de MS para a
2 cultivar Tifton 9, com 200 Kg/ha de N.

3 Soares et al. (1986), trabalhando com seis biótipos nativos em comparação a
4 cultivar Pensacola em três regiões do estado - Vacaria, São Gabriel e Tupanciretã -
5 durante três anos, obtiveram em Vacaria valores de produção total de matéria seca numa
6 média que variou para os biótipos de 8616 a 10513 Kg/ha e para a Pensacola 9966
7 Kg/ha, com uma dose média anual de 225 Kg/ha de N; em São Gabriel as produções
8 variaram para os biótipos de 3860 a 5245 Kg/ha e para a Pensacola 6831 Kg/ha (270 kg
9 N/ha); em Tupanciretã as produções para os biótipos entre 3438 a 6619 Kg/ha e para
10 Pensacola 9029 Kg/ha de MS (210 Kg N). Chamblee e Rogers (1972) descreveram que
11 tanto a grama forquilha como a Pangola (*Digitaria decumbens* Stent) quando
12 fertilizadas com 275 Kg/ha de nitrogênio alcançam uma produção total de 12500 Kg/ha
13 de matéria seca. Já Costa (1997), trabalhando em Eldorado do Sul com três biótipos de
14 grama forquilha alcançou com 100 Kg/ha de N uma produção total anual de 14400
15 Kg/ha para o biótipo André da Rocha, 11000 Kg/ha para o biótipo Capivari e 10200
16 Kg/ha para o biótipo Comum, valores estes bastante similares aos relatados neste
17 trabalho, apesar da menor dose de N aplicado. Soares (1977), estudando o efeito de
18 doses de nitrogênio sobre a produção de matéria seca de um biótipo de *P. notatum* e da
19 cultivar Pensacola, obteve com dose de 150 Kg/ha, em vasos 21,91 g/vaso para
20 Pensacola e 20,04 g/vaso para André da Rocha. Mislevy e Dunavin (1993) na Florida
21 (EUA), estudando quatro cultivares de *Paspalum notatum*, obtiveram produção total
22 anual de matéria seca de 6500 kg/ha para Pensacola, 6000 Kg/ha do biótipo Argentina,
23 6900 Kg/ha para o biótipo Paraguai 22 e 7100 Kg/ha para a cultivar Tifton-9, com 168
24 Kg/ha de N.

1 Nos dois anos de avaliação, os resultados obtidos mostram o grande potencial
2 produtivo das gramíneas nativas quando estas têm disponíveis as condições ideais de
3 desenvolvimento, podendo ser comparados com cultivares forrageiras tropicais bastante
4 utilizadas no Brasil. Pimentel (1976), trabalhando na EEA - UFRGS com *Panicum*
5 *maximum* Jacq. cv. Gatton obteve uma produção de 8830 Kg/ha de MS e Kohmann
6 (1979), trabalhando com a mesma espécie obteve uma média de produção de dois anos
7 de 9030 Kg/ha de MS. Ao analisar estes dados e comparando com as espécies nativas,
8 constata-se que não existem razões para não acreditar no extremo potencial de produção
9 que se alcança com o manejo bem planejado de espécies nativas.

10 Outro aspecto importante a ser abordado é a produção de forragem obtida pelos
11 biótipos de *P. guenoarum* no final da estação de crescimento, corte realizado no mês de
12 junho, do primeiro ano. Esse dado mostra a potencialidade de produção de forragem que
13 os biótipos Azulão e Baio apresentam durante o outono (Tabela 3), aspecto relevante no
14 que se refere à produção pecuária estadual. Neste período existe um grande déficit de
15 forragem, conhecido como “vazio forrageiro de outono”, em função das pastagens
16 hibernais ainda não terem desenvolvimento adequado para a sua utilização.

17 No segundo ano, podemos notar a precocidade de produção de forragem,
18 principalmente, dos biótipos Azulão e Bagual, com produções no mês de outubro de
19 2060 Kg/ha e 1155 kg/ha, respectivamente (Tabela 4). Além disso, observa-se a menor
20 produção de forragem do biótipo André da Rocha, que apresentou uma produção de
21 forragem de 740 Kg/ha, o que provavelmente demonstra uma forte resposta deste
22 biótipo às temperaturas baixas.

23

24 Tabela 3. Produção de MS em cada corte no primeiro ano de avaliações (2003-2004),
25 em Kg/ha, EEA-UFRGS, Eldorado do Sul.

26 Table 3. Dry matter yield in each cut during the first year (2003-2004), kg/DM/ha, EEA-UFRGS,
27 Eldorado do Sul, 2004.

Espécie <i>Species</i>	Corte 1 Cut 1 23/01/04	Corte 2 Cut 2 27/02/04	Corte 3 Cut 3 13/04/04	Corte 4 Cut 4 21/06/04
Pensacola	2730 c* (33)	2960 b (84)	1821 c (42)	763 b (11)
A Rocha	3451 bc (42)	3173 ab (91)	2363 bc (55)	693 b (10)
Bagual	5547 ab (67)	4193 ab (120)	3652 ab (85)	945 b (14)
Azulão	6815 a (82)	5292 a (151)	4223 a (98)	2230 a (32)
Baio	7708 a (93)	4034 ab (115)	4712 a (109)	1788 ab (26)

1 * - Medidas seguidas de letras iguais na mesma coluna não diferem estatisticamente pelo teste de
2 Tukey a 5% de significância. Taxas de acúmulo de forragem (Kg/MS/ha/dia) entre parênteses..

3 * - Means followed by the same letter in the column did not differ by Tukey test at 5% level of
4 significance. Forage accumulation taxes (kg/DM/ha/day)

5

6 Uma vez que este biótipo é originário de uma região com temperaturas baixas no
7 inverno, esta pode ser um tipo de defesa das plantas às condições do meio, pois com a
8 incidência de temperaturas baixas, a planta para de investir em crescimento de folhas e
9 inflorescências, entrando em repouso hibernar.

10 Tabela 4. Produção de MS em cada corte no segundo ano de avaliações (2004-2005),
11 em Kg/ha, EEA-UFRGS, Eldorado do Sul.

12 Table 4. Dry matter yield in each cut on the second year of evaluation (2004-2005), kg/DM/ha, EEA-
13 UFRGS, Eldorado do Sul.

Espécie <i>Species</i>	Corte 1 Cut 1 11/10/04	Corte 2 Cut 2 17/11/04	Corte 3 Cut 3 09/12/04	Corte 4 Cut 4 19/01/05
Pensacola	986 b* (9)	2550 b (69)	1699 ab (77)	1325 b (32)
A Rocha	740 b (7)	2010 b (54)	1306 b (59)	1933 ab (47)
Bagual	1142 ab (10)	2404 b (65)	1735 ab (79)	2431 ab (59)
Azulão	2060 a (18)	3647 a (99)	2211 a (100)	3262 a (80)
Baio	1070 b (10)	2381 b (64)	1404 ab (64)	2011 ab (49)

14 * - Medidas seguidas de letras iguais na mesma coluna não diferem estatisticamente pelo teste de
15 Tukey a 5% de significância. Taxas de acúmulo de forragem (Kg/MS/ha/dia) entre parênteses..

16 * - Means followed by the same letter in the column did not differ by Tukey test at 5% level of
17 significance. Forage accumulation taxes (kg/DM/ha/day)

18

19

20

21

22

23

1 As produções totais de matéria seca do segundo ano, apesar de serem valores altos
2 para o período de avaliação, ficaram aquém do esperado, devido à estiagem ocorrida
3 durante todo o período. Mesmo assim os materiais mantiveram um alto índice de
4 produção, mostrando o vigor e a resistência destas espécies a períodos desfavoráveis.
5 Neste aspecto a utilização desta espécie pode-se tornar uma grande ferramenta no
6 manejo pecuário quando o gado poderá manter os ganhos do período de primavera-
7 verão por maior período. Outro aspecto observado durante o estudo, foi em relação à
8 persistência dos biótipos durante o período de avaliação. Durante a condução do
9 experimento, sempre foi observado o comportamento das plantas em relação ao seu
10 desenvolvimento, vigor e tolerância às condições ambientais. O desenvolvimento e o
11 vigor foram, especialmente, notados nas produções de matéria seca e na cobertura das
12 parcelas no inverno (dados não apresentados). Como foi destacado, a tolerância ao frio
13 dos biótipos pode ser considerada uma ferramenta essencial no desenvolvimento e na
14 seleção de materiais para as condições deste estado. A ocorrência de baixas
15 temperaturas e geadas pode levar à morte de gemas de crescimento das plantas,
16 impedindo o seu desenvolvimento e podendo até mesmo ocasionar a morte da planta.
17 Desta maneira, nos meses de primavera, início da estação de crescimento, as pastagens
18 levam mais tempo para alcançar um nível de produção de forragem adequado ao
19 consumo dos animais.

20 A observação de tolerância a geadas pode ser observada na tabela 3, pois esta
21 mostra o último corte dos biótipos, realizado no mês de junho, quando já havia ocorrido
22 duas geadas na área do experimento, refletindo baixa produção de matéria seca dos
23 materiais.

24 Os resultados nos mostram que os biótipos de *P. guenoarum* mantiveram
25 produções superiores às de grama forquilha. Entre os *P. notatum*, o biótipo Bagual

1 manteve uma produção superior em relação à cultivar Pensacola e ao biótipo André da
2 Rocha.

3 Um aspecto que chama a atenção é a menor produção de forragem, neste último
4 corte de 2004, do biótipo André da Rocha que também apresentou um maior
5 crestamento das folhas, indicando uma maior sensibilidade às baixas temperaturas
6 (Figura 4). Esse fato talvez possa ser explicado como um mecanismo de defesa de um
7 biótipo originário de uma região de clima frio, pois dessa maneira com a incidência de
8 geadas a planta não continua o crescimento vegetativo e mantém um maior nível de
9 reservas para o próximo período de crescimento.



10

11 Figura 4. Efeitos da geada, (A) comparação entre biótipos de *P. notatum* (Bagual e
12 André da Rocha) e (B) entre *P. notatum* e *P. guenoarum* (André da Rocha e Azulão).
13 *Figure 4. Frost effects. (A) P. notatum biotypes (Bagual and André da Rocha) and (B) P. notatum and*
14 *P. guenoarum (André da Rocha and Azulão)*

15

16 Os biótipos de *P. guenoarum* também apresentaram sensibilidade ao frio através
17 do crestamento, porém mantiveram uma maior produção de forragem em relação aos
18 outros biótipos. O biótipo Bagual foi o que se mostrou menos suscetível a baixas
19 temperaturas dentre os *P. notatum*, mostrando menos crestamento que o biótipo André
20 da Rocha e a Pensacola (Figura 4).

21 Dall’Agnol e Gomes (1987), estudando espécies do gênero *Paspalum*, observaram
22 que biótipos de *P. guenoarum* toleraram bem as geadas e que o grupo de plantas
23 nativas, representado por outras espécies do gênero *Paspalum*, apresentou melhor

1 distribuição estacional da produção de MS, tendo produções de outono e inverno devido
2 à maior tolerância a geadas. Estes trabalhos demonstram que embora os biótipos de
3 *Paspalum* sejam plantas de produção estival, estas são bastante tolerantes ao frio, nas
4 condições da Depressão Central Riograndense. Por outro lado, o maior determinante da
5 diminuição da produção de forragem, no caso do *P. notatum* no inverno, parece ser a
6 dormência, induzida pela mudança no fotoperíodo. Trabalhos realizados por Sinclair et
7 al. (2001) na Florida – EUA, com acessos de *P. notatum* e *Cynodon dactylon*,
8 demonstraram que a cultivar Pensacola apresentou um aumento na produção de
9 forragem (3,6 vezes superior), quando esteve sob efeito de fotoperíodo estendido no
10 inverno, quando comparada a uma que não esteve sob este mesmo efeito. Blount et al.
11 (2001) na Florida (EUA), também obtiveram resultados semelhantes estudando resposta
12 de fotoperíodo de grama forquilha, sendo que a produção potencial de forragem durante
13 a primavera, não foi diminuída em função do aumento do fotoperíodo no inverno. Desse
14 modo, a seleção de biótipos com menor sensibilidade ao fotoperíodo poderia ser uma
15 importante alternativa, especialmente, para regiões com invernos amenos.

16 Na análise bromatológica de folhas realizada nos cinco biótipos estudados, foram
17 analisados teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em
18 detergente ácido (FDA), do corte realizado em 21 de junho de 2004, período com
19 temperaturas baixas e com incidência de geadas (Apêndices 1 e 2).

20 A cultivar Pensacola apresentou um teor de 15,57% de PB, sendo seguido por
21 Bagual (15,36%), Azulão (14,7%), André da Rocha (14,49%) e Baio (14,26%).
22 Pensacola e Baio diferiram estatisticamente. (Tabela 5).

23 Em relação à porcentagem de FDN, a cultivar Pensacola obteve teor de 70,64%
24 ,sendo seguido pelo biótipo Bagual (70,6%), Baio (70,55%), André da Rocha (70,47%)
25 e Azulão (68,78%). Pensacola e Azulão diferiram estatisticamente (Tabela 5).

1 Com relação à percentagem de FDA, o biótipo Baio obteve um teor de 43,24%,
 2 diferindo significativamente dos demais, o biótipo Azulão obteve um teor de 40,3%,
 3 seguido por André da Rocha (39,29%), Bagual (39,11%) e Pensacola 38,07% (Tabela
 4 5).

5 Tabela 5. Porcentagens de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN) e fibra
 6 em detergente ácido (FDA) das folhas em cinco biótipos de *Paspalum*, Eldorado do Sul,
 7 2004.

8 Table 5. Crude protein percent (CP), neutral detergent fiber (NDF) and acid detergent fiber (ADF)
 9 contents on leaves of five *Paspalum* biotypes, Eldorado do Sul, 2004.

Biótipo Biotype	PB CP	FDN NDF	FDA ADF
	-----%-----		
André da Rocha	14,49 ab*	70,47 ab*	39,29 b*
Bagual	15,36 ab	70,6 ab	39,11 b
Pensacola	15,57 a	70,64 a	38,07 b
Azulão	14,7 ab	68,78 b	40,3 b
Baio	14,26 b	70,55 ab	43,24 a

10 * - Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferiram estatisticamente pelo teste de Tukey a 5%
 11 de significância.

12 * - Means followed by the same letter in the column did not differ by Tukey test at 5% level of
 13 significance.

14
 15 Estes resultados são bastante próximos aos encontrados por Scheffer-Basso et. al
 16 (2002) que, ao analisarem amostras totais de Pensacola obtiveram valores de 14,7% ±
 17 3,86 de PB, 66,73% ± 3,02 de FDN e 35,98% ± 4,02 de FDA. Soares (1977)
 18 trabalhando com o biótipo André da Rocha em comparação à cultivar Pensacola obteve
 19 um comportamento diferente com relação ao teor de PB, totalizando 2,69 g/vaso
 20 (13,42%) para o biótipo e de 2,72 g/vaso (12,41%) para a cultivar, sendo a proporção de
 21 PB superior no biótipo em relação à cultivar Pensacola.

22 Já Soares Filho et. al. (2002) estudando dez gramíneas forrageiras em São Paulo,
 23 observaram teores médios de matéria seca total para a cultivar Tifton 9 de, 10,9% de
 24 PB, 72,4% de FDN e 45% de FDA, na estação das águas.

25 Soares et al. (1986), trabalhando com seis biótipos nativos de *P. notatum* em
 26 comparação à cultivar Pensacola em três regiões do estado -Vacaria, São Gabriel e

1 Tupanciretã, durante três anos, obtiveram em Vacaria teores de PB para os biótipos
2 variando de 12,08 a 12,88% e para Pensacola 11,56%, em São Gabriel os teores
3 variaram de 11,87 a 13,01% e Pensacola 11,50% e em Tupanciretã a variação foi de
4 11,62 a 12,10% entre os biótipos e para Pensacola 10,28% de teor de PB.

5 Mislevy e Dunavin (1993) na Flórida (EUA), obtiveram com quatro cultivares de
6 *Paspalum notatum*, médias de 13,5% de PB para a Pensacola, 16% para o biótipo
7 Argentina, 14% de PB para o biótipo Paraguai 22 e 12,7% para a cultivar Tifton-9, além
8 de valores de digestibilidade “in vitro” da matéria orgânica (DIVMO) para as mesmas
9 cultivares de 51,5%, 51%, 51% e 52,7%, respectivamente.

10 Zimmer (1978) em Eldorado do Sul, obteve valores de PB de 11,35% para
11 Pensacola e de 10,8% para *P. guenoarum*. Finalmente Paim & Nabinger (1982)
12 trabalhando com dois biótipos de *P. guenoarum* (Azulão e Baio) obtiveram utilizando
13 45 kg/ha de N, para o biótipo Azulão média de 8,57% de PB e para o Baio 8,72% de
14 PB, e encontraram valores de DIVMO para estes de 56,22% para Azulão e de 53,33%
15 para Baio. Estes valores foram bem próximos dos obtidos neste experimento - 57,51%
16 para Azulão e 55,22% Baio, se utilizarmos a fórmula para obter os valores de
17 Digestibilidade estimada da matéria (DMS) que é baseada no percentual de
18 digestibilidade da matéria orgânica (DMO), sendo: $DMS (\%) = 88,9 - (0,779 \times \% FDA)$
19 (Scheffer-Basso et. al., 2002).

20 Segundo Andrigetto (1983), as necessidades nutricionais diárias dos novilhos de
21 corte em crescimento, com peso vivo de 400 Kg, exigem 9,9 Kg de MS com 8,9% de
22 PB. Desta maneira todos os acessos avaliados suprem devidamente o desenvolvimento
23 de bovinos de corte. Conforme Maraschin (2001), em pastagem com predominância de
24 *P. notatum*, com ofertas de 12% do peso vivo (PV), pode-se obter ganhos médios
25 diários por animal de 0,45 kg, com ganhos de PV por hectare de 140 Kg.

2.6 Conclusões

Os resultados obtidos nos dois anos de avaliação mostram que os biótipos de *Paspalum guenoarum* têm maior produção de massa de forragem quando comparados aos de *Paspalum notatum* e que o biótipo de Bagual tem maior produção de massa de forragem quando comparada com a cultivar Pensacola.

Os valores de proteína bruta das folhas, mesmo em período de final de ciclo das plantas, foram adequados e superiores a maioria dos estudos semelhantes anteriores.

Os biótipos de *P. guenoarum* apresentam maior tolerância ao frio do que os biótipos de *P. notatum*.

2.7 Literatura Citada

- ANDRIGETTO, J.M. et al. **Nutrição animal**. São Paulo: Nobel, 1983. v. 2. 425p. Cap. 5: Alimentação dos bovinos de corte.
- ARAUJO, A.A. Subsídio ao estudo dos campos do Rio G. do Sul. **Boletim da Sociedade Brasileira de Agronomia**. v. 5, n. 2, p. 189 - 214. Rio de Janeiro, 1942.
- ARAUJO, A.A. **Principais gramíneas do Rio Grande do Sul** (Agrostologia Rio-Grandense). [s.n.]. Porto Alegre, 1971.
- BARRETO, I.L. **O gênero *Paspalum* (Gramineae) no Rio Grande do Sul**. 1974. 258 f. Dissertação (Livre Docência-Fitotecnia). Faculdade de Agronomia-UFRGS, 1974.
- BERGAMASCHI, H. **Boletim metereológico, EEA - UFRGS**. Porto Alegre, Faculdade de Agronomia, UFRGS, 2003. (Não publicado)
- BERGAMASCHI, H. **Boletim metereológico, EEA - UFRGS**. Porto Alegre, Faculdade de Agronomia, UFRGS, 2004. (Não publicado)
- BERGAMASCHI, H. **Boletim metereológico, EEA - UFRGS**. Porto Alegre, Faculdade de Agronomia, UFRGS, 2005. (Não publicado)
- BERGAMASCHI, H. et al. **Clima da estação experimental da UFRGS** (e região de abrangência). Porto Alegre: UFRGS, 2003, 78 p.

- 1
2 BLOUNT, A.R. et al. Photoperiod Response in Pensacola Bahiagrass. In: XIX
3 International Grassland Congress. 2001. Rio de Janeiro. **Proceedings...** São Pedro,
4 p.487-488, 2001.
5
- 6 CHAMBLEE, D.S.; ROGERS, T.H. Siembras para heno y pasto en al sur humedo. In:
7 HUGHES, H.D.; HEATH, M.E. y METCALFE, D.S. **Forrajes: La Ciencia de la**
8 **Agricultura em La Producción de Pastos.** Ed. Continental, Mexico,1972. p. 315-
9 319.
10
- 11 COSTA, J.A.A. **Caracterização ecológica de biótipos de Paspalum notatum Flüge**
12 **var. Notatum naturais do Rio Grande do Sul e ajuste de um modelo de**
13 **estimação do rendimento potencial.** 1997. 98 f. Dissertação (Mestrado) Programa
14 de pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS, Porto Alegre,
15 RS, 1997.
16
- 17 DALL'AGNOL, M. & GOMES, K.E. Avaliação Inicial da Matéria Seca de Espécies do
18 Gênero *Paspalum*. In: ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE
19 MELHORAMENTO GENÉTICO DE PASPALUM, 1987, Nova Odessa. **Anais...**
20 Nova Odessa: IZ, p.51-55. 1987.
21
- 22 KOHMANN, C. **Rendimento, qualidade e persistência de *Panicum maximum* Jacq.**
23 **cv. Gattón e *Setaria anceps* Staf cv. Kuzungula, colhidos em três estádios de**
24 **crescimento, a duas alturas de corte acima do solo e sob três doses de**
25 **nitrogênio.** 1979. 156 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em
26 Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS. Porto Alegre, 1979.
27
- 28 MARASCHIN, G.E. A planta forrageira no sistema de produção: grama batatais,
29 forquilha e bahiagrass. In: PEIXOTO, A.M.; PEDREIRA, C.G.S.; MOURA, J.C.;
30 FARIA, V. P. 17º Simpósio sobre Manejo da Pastagem. FEALQ. **Anais...**
31 Piracicaba, 2001. 393 p.
32
- 33 MISLEVY, P.; DUNAVIN, L.S. Management and utilization of Bermudagrass and
34 Bahiagrass in South Florida. 42 Florida Beef Cattle Short Course. **Proceedings...**
35 Gainesville. 1993. IFAS, University of Florida. Gainesville, May, 1993, p. 84-95.
36
- 37 OTERO, J.R. Informações sobre algumas plantas forrageiras. **Serviço de informação**
38 **agrícola.** n. 11, Ministério da Agricultura, Rio de Janeiro, 1961. 334 p.
39
- 40 PAIM, R.N.; NABINGER, C. Comparação entre duas formas de *Paspalum guenoarum*
41 Arech. **Agronomia sulriograndense.** v. 18. n. 2. Porto Alegre, 1982. p. 103-114.
42

- 1 PEDREIRA, J.V.S. et al. Estimativa da capacidade de suporte de capins consorciados
2 com leguminosas. **Boletim da Indústria Animal**. v. 32. n. 2. São Paulo, 1975. p.
3 281-292.
- 4
- 5 PIMENTEL, D.M. **Intensidade, frequência de cortes e nitrogênio sobre os**
6 **rendimentos de matéria seca e proteína bruta de *Panicum maximum* Jacq. cv.**
7 **Gatton**. 1976. 90 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em
8 Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS, Porto Alegre, 1976.
- 9
- 10 RECOMENDAÇÕES de adubação e de calagem para os estados do Rio Grande do Sul
11 e Santa Catarina. 3. ed. Passo Fundo: SBCS-Núcleo Regional Sul, 2000, 224 p.
- 12
- 13 SAIBRO, J.C. **Efeito de calcário, nitrogênio e fósforo sobre a composição botânica,**
14 **produção de matéria seca e proteína de misturas de espécies forrageiras**
15 **tropicais e sub-tropicais**. 1971. 93 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-
16 Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS. Porto Alegre, 1971.
- 17
- 18 SAS INSTITUTE INC. **User's guide**: realese 6.03. [S.l.] : Cary, 1999. 1028 p.
- 19
- 20 SCHEFFER-BASSO, S.M.; FONTANELI, R.S.; DÜRR, J.W. **Valor nutritivo de**
21 **forragens**: concentrados, pastagens e silagens. Centro de Pesquisa em Alimentação.
22 Passo Fundo, 2002.
- 23
- 24 SINCLAIR, T.R.; MISLEVY, P.; RAY, J.D. Short photoperiod inhibits winter growth
25 of subtropical grasses. **Planta**, Heidelberg. v. 213. p. 488-491, 2001.
- 26
- 27 SOARES, H.H.P.R.F. Efeito de doses de nitrogênio e intervalos entre cortes sobre a
28 produção de matéria seca e proteína bruta de dois ecotipos de *Paspalum dilatatum*
29 Poir, um ecotipo de *Paspalum notatum* Flüggé e a cultivar Pensacola (*Paspalum*
30 *notatum* Flüggé var. *saurae* Parodi). **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas**
31 **Zootécnicas “Francisco Osório”**, Porto Alegre, v. 4, p. 201-232, julho 1977.
- 32
- 33 SOARES, H.H.P.R.F. et al.. Avaliação de ecotipos de *Paspalum notatum* Flüggé e
34 *Paspalum nicorae* Parodi em comparação com Pensacola (*Paspalum saurae*
35 Parodi). **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas “Francisco**
36 **Osório”**, Porto Alegre, v. 13, p. 87-119, dez. 1986.
- 37
- 38 SOARES FILHO, C.V.; RODRIGUES, L.R.A. & PERRI, S.H.V. Produção e valor
39 nutritivo de dez gramíneas forrageiras no Noroeste do Estado de São Paulo. **Acta**
40 **Scientiarum**. Maringá, v. 24. n. 5. p. 1377-1384, 2002.
- 41

- 1 STRECK, E.V. et al. **Solos do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: EMATER/RS;
2 UFRGS, 2002. 128 p.
3
- 4 ZIMMER, A.H. **Consociações de gramíneas forrageiras de estação quente com**
5 **alfafa (*Medicago sativa* L.) cv. crioula, submetidas a duas alturas de corte**. 1978.
6 98 f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia,
7 Faculdade de Agronomia, UFRGS. Porto Alegre, 1978.

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25

Capítulo 3

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE *Paspalum notatum* Flügge ATRAVÉS DO USO DE MARCADORES RAPD.

1 **CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE *Paspalum notatum* Flüge ATRAVÉS DO**
2 **USO DE MARCADORES RAPD.¹**

3 **Marcelo Gomes Steiner², José Francisco Montenegro Valls³, Maria Teresa**

4 **Schifino-Wittmann⁴, Tatiana de Souza Chies⁵, Paula M. B. Dias⁶, Andréa Célia⁷,**

5 **Vladirene M. Vieira⁷, Miguel Dall'Agnol⁸.**

6 **3.1 RESUMO**

7 O gênero *Paspalum*, é considerado um dos mais importantes da família *Poaceae* e
8 dentre as inúmeras espécies citadas destaca-se *Paspalum notatum*, uma espécie
9 forrageira presente em quase todo continente americano. Por apresentar variedades com
10 modo de reprodução diferentes, sendo sexual ou apomítico, esta espécie apresenta uma
11 variabilidade morfológica muito grande entre os diferentes acessos. Este trabalho teve
12 como objetivo a caracterização genética de diferentes acessos de *Paspalum notatum*,
13 assim como avaliar a similaridade genética que ocorre entre os mesmos, com base em
14 marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Foram analisados 40
15 acessos de várias partes do Brasil, principalmente do Rio Grande do Sul, cada um
16 representando uma população diferente. Os resultados obtidos indicaram uma
17 similaridade genética média entre acessos de 0,26 (Índice de Jaccard), variando de zero
18 a 0,80. Os acessos foram reunidos em sete grupos distintos. Os níveis de similaridade
19 genética entre os acessos de *P. notatum*, foram baixos, revelando altos índices de
20 variabilidade genética entre as populações para os *primers* testados neste trabalho. A
21 formação de grupos distanciados geneticamente favorece a seleção de genótipos para a
22 formação de novas cultivares, mais adaptadas às necessidades de produção de forragem.
23 Os marcadores RAPD utilizados foram eficientes para distinguir os diferentes acessos
24 de *P. notatum*.

25 **Palavras-Chave:** *Paspalum notatum*, caracterização genética, variabilidade
26 genética, marcadores moleculares, RAPD.

27
28 ¹ Parte da dissertação (Mestrado-Zootecnia) do primeiro autor junto a UFRGS.

29 ² Eng. Agrônomo, Mestre em Zootecnia, PPG-Zootecnia/UFRGS. Bolsista CAPES. e-mail:
30 mgsteiner@pop.com.br

31 ³ Eng. Agrônomo, Ph.D., Embrapa, Cenargen, Av.W5 Norte, Caixa Postal 02372, Brasília, DF, e-mail:
32 valls@cenargen.embrapa.br Bolsista CNPq.

33 ⁴ Biólogo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
34 UFRGS, Av.: Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil. Bolsista CNPq.

1 ⁵ **Biologo, Doutora, Professor Ajunto do Departamento de Botânica, IB, UFRGS, Av.: Bento**
2 **Gonçalves, 9500, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil. Bolsista, CNPq**

3 ⁶ Biologo, aluno de doutorado do PPG-Zootecnia/UFRGS, bolsista CAPES.

4 ⁷ Aluno de graduação da Faculdade de Agronomia/UFRGS, Bolsista IC.

5 ⁸ Eng. Agrônomo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
6 UFRGS, Av.: Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil. e-mail:

7 miguel@ufrgs.br. Autor para correspondência. Bolsista CNPq.

8

9 **GENETIC CHARACTERIZATION OF *Paspalum notatum* Flügge BY RAPD**

10

MARKERS

11

3.2 ABSTRACT

12

The genus *Paspalum* is one of the most important within the *Poaceae* and
13 *Paspalum notatum* is an important forage species, present in almost all American
14 continents. Because it has varieties with different reproduction modes, sexual and
15 apomitic, this species presents a very high morphological variability among its accesses.

16

This work was intended to characterize genetically different accesses of *Paspalum*
17 *notatum* as well as to evaluate the genetic similarity among them by using RAPD
18 markers. Were used 40 accesses from several locations from Brazil, especially from Rio
19 Grande do Sul, each one representing a different population. The results showed an
20 average genetic similarity value among the accesses of 0,26 (Jaccard Index), ranging
21 from 0,00 to 0,80. The accesses were grouped into seven distinct groups. The levels of
22 genetic similarity among the accesses were low, revealing high levels of genetic
23 variability among the populations for the primers tested in this work. The formation of
24 groups genetically distant, favors the selection of individuals to be used on the
25 formation of new cultivars more adapted to the forage production needs. The RAPD
26 markers used were efficient to distinguish the different accesses of *P. notatum*.

27

Key words: *Paspalum notatum*, genetic characterization, genetic variability, molecular
28 markers, RAPD.

29

30

3.3 INTRODUÇÃO

31

O gênero *Paspalum* se constitui em um dos mais importantes dentre a família

32

***Poaceae*, no Rio Grande do Sul, e nele se destaca a grama forquilha (*P. notatum*),**

33

por se tratar de uma planta forrageira de grande importância para o Estado, tanto

34

ecológica como economicamente.

1 A grama forquilha é uma espécie tetraplóide ($2n= 4x = 40$) (Burton, 1940)
2 que se reproduz por apomixia, embora apresente citótipos com comportamento
3 reprodutivo sexual (Quarin & Norrmann, 1990) e diplóides ($2n = 2x = 20$), como é
4 o caso da cultivar Pensacola (Burton, 1955). A cultivar Pensacola (*P. notatum* var.
5 *saurae*), originária da América do Sul e melhorada nos EUA, é largamente
6 utilizada no sul do Brasil para a formação de pastagens encontrando-se bastante
7 adaptada a esta região.

8 Recentemente, o campo da biologia molecular proveu ferramentas para a
9 análise genética rápida e detalhada de organismos superiores, incluindo espécies
10 agrícolas. Tais ferramentas constituem os marcadores de DNA, os quais mostram
11 diferenças na informação genética apresentada por dois ou mais indivíduos
12 (Paterson et al. 1991). Dentre os avanços obtidos, pode-se destacar as tecnologias
13 de marcadores moleculares que conduziram ao rápido desenvolvimento de mapas
14 genéticos, bastante detalhados de muitas plantas cultivadas.

15 Dentre essas técnicas, o PCR (Polymerase Chain Reaction) permitiu um
16 avanço bastante rápido no conhecimento científico na área da biologia molecular.
17 Williams et al. (1990) relataram que a técnica de RAPD (Random Amplified
18 Polymorphic DNA) distingue-se das demais devido ao uso de seqüências
19 iniciadoras com 10 pares de bases, as quais são arbitrárias, ao contrário das outras
20 que necessitam informações a respeito da seqüência de DNA alvo para a formação
21 de seqüências iniciadoras adequadas. As principais vantagens do RAPD, com
22 relação a outras técnicas, são facilidade, rapidez, necessidade de quantidades
23 mínimas de DNA e, principalmente, grande quantidade de polimorfismo gerado
24 por um único marcador. Apesar disso, essa técnica sofre algumas restrições,
25 especialmente, quanto à repetibilidade, pois necessita de rígidos controles

1 laboratoriais, para haver similaridade entre os resultados (Ferreira &
2 Grattapaglia, 1996).

3 Muitos trabalhos têm sido descritos sobre o gênero *Paspalum* ou, mais
4 especificadamente, sobre *P. notatum*, a respeito do uso de técnicas de marcadores
5 moleculares. Porém na maioria destes trabalhos são realizadas comparações entre
6 populações de apomíticos (tetraplóides) e sexuais (diplóides), verificação de
7 similaridade genética dentro de populações diplóides e comparações dos resultados
8 dentro de populações tetraplóides. Outros trabalhos se referem à identificação de
9 apomixia entre as populações (Martinez et al. 2001, 2003, Casa et al. 2002,
10 Espinoza et al. 2002, Daurelio et al., 2004). No entanto, não há informações de
11 trabalhos sobre a quantificação de similaridade genética entre populações
12 apomíticas de *P. notatum*.

13 O objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização genética dos diferentes
14 acessos de *Paspalum notatum* Flüge assim como observar a similaridade genética que
15 ocorre entre os acessos, com base em marcadores RAPD.

16 3.4 MATERIAL E MÉTODOS

17 Para a caracterização molecular foram utilizadas plantas coletadas em diferentes
18 locais, principalmente, no Estado do RS, embora algumas tenham sido coletadas em
19 outros locais (Tabela 1).

20 Foram coletadas três folhas jovens de cada indivíduo e destas foram retiradas amostras de 100 mg, as quais foram maceradas
21 em nitrogênio líquido e conservadas em freezer para posterior extração de DNA. Para a extração, foi utilizado o protocolo de
22 Doyle & Doyle (1987), com modificações. Após foi realizada a quantificação do DNA em espectrofotômetro Espectronic
23 Gênesis 2 para a estimativa da quantidade e qualidade do DNA. Para tanto, foi feita uma diluição de 5 µL da solução de DNA e
24 inserida em 495 µL de água MiliQ estéril e submetida à leitura no espectrofotômetro. Em seguida, foi realizada a diluição em
25 solução tamponante visando à obtenção de concentrações iguais de DNA e desta forma padronizando as concentrações de
26 estoque em 200 ng/µL. Todas as análises utilizaram soluções de trabalho com concentração de DNA de 3 ng/µL.

27

28 Tabela 1. Origem dos diversos acessos de *P. notatum*.

29 *Table 1. Origin of the different Paspalum accessions.*

Código	Código de Acesso	Local	Coordenadas
Bagual	**	**	**
Pensacola	St s/n	Viamão - RS	Long -50,8° Lat -30°

1	V14244 "A"	Uruguaiiana - RS	Long -57° Lat -29,7°
2	V14244 "E"	Uruguaiiana - RS	Long -57° Lat -29,7°
3	V14244"H"	Uruguaiiana - RS	Long -57° Lat -29,7°
4	V14310	Barra do Quaraí - RS	Long -57,4° Lat -30,1°
5	V14326	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
7	V14327	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
8	V14614	Itaquiraí - MS	Long -54,1° Lat -23,3°
9	V14783	Vale do Sol - RS	Long -52,7° Lat -29,6°
10	V14287	Candói - PR	Long -52° Lat -25,5°
11	V14282	Candói - PR	Long -52° Lat -25,5°
13	V14865	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
14	V14866	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
16	V14869	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
17	V14870	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
18	V14871	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
23	MD s/n	Encruzilhada do Sul - RS	Long -52,6° Lat -30,6°
24	MD s/n	Encruzilhada do Sul - RS	Long -52,6° Lat -30,6°
25	MD s/n	Lavras do Sul - RS	Long -54° Lat -30,9°
26	MD s/n	Caçapava do Sul - RS	Long -53,5° Lat -30,5°
27	MD s/n	Lavras do Sul - RS	Long -54° Lat -30,9°
28	MD s/n	Caçapava do Sul - RS	Long -53,5° Lat -30,5°
29	MD s/n	Lavras do Sul - RS	Long -54° Lat -30,9°
30	MD s/n	Bagé - RS	Long -54,1° Lat -31,3°
31	MD s/n	André da Rocha - RS	Long -51,5° Lat -28,6°
32	MD s/n	Barretos - SP	Long -48,6° Lat -20,5°
34	MD s/n	Vacaria - RS	Long -51° Lat -28,5°
35	MD s/n	São Borja - RS	Long -51° Lat -28,5°
36	CN s/n	San Tomé - AR	**
50	CN s/n	Piracicaba - SP	Long -47,9° Lat -22,7°
51	CN s/n	Possadas - AR	**
52	St s/n	Santiago - RS	Long -54,8° Lat -29,2°
53	MD s/n	Água Doce - SC	Long -51,6° Lat -26,7°
54	St s/n	Eldorado do Sul - RS	Long -51,6° Lat -30,1°
55	V14921	Quaraí - RS	Long -56,4° Lat -30,4°
56	V14931	Alegrete - RS	Long -55,8° Lat -29,8°
66	MD s/n	Colônia - UY	**
67	MD s/n	Colônia - UY	**
69	MD s/n	S. J. do Hortêncio - RS	Long - 51,2° Lat -29,6°

1 * V - Valls, J.F.M., CN - Nabinger, C., MD - Dall'Agnol, M., St - Steiner, M.G., ** não disponível

2 Para a reação de PCR foi seguido o protocolo proposto por Ferreira &
3 Grattapaglia (1996) com algumas modificações. A reação foi realizada em um volume
4 total de 15 µL sendo formada por: 5 µL da solução de trabalho de DNA (3 ng/µL), 1,82
5 µL de tampão PCR 10x, 0,7 µL de MgCl₂ (50 mM), 1,04 µL de 10 mM dNTP mix
6 contendo 2,5 mM de cada um dos quatro nucleotídeos (dATP, dTTP, dCTP e dGTP), 5
7 µL de *primer* (5 ng/µL), 0,25 µl de Taq DNA polimerase (5 U/µL) e água MilliQ
8 esterilizada 1,19 µL completando o volume final da reação.

9 Inicialmente foram testados 18 *primers* da Empresa Operon Technologies
10 (Alameda, CA, USA). Após estes testes, oito *primers* foram selecionados para este
11 trabalho por amplificarem, pelo menos, um loco para a maioria dos acessos (Tabela 2).

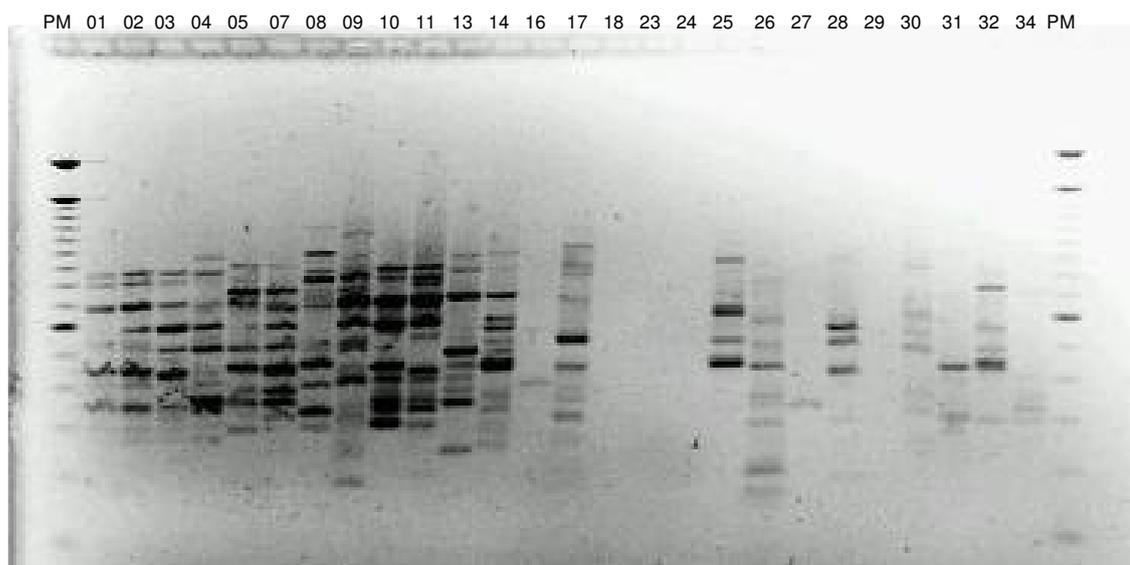
12 Tabela 2. *Primers* testados , em destaque (sublinhados) os incluídos no estudo.
13 Table 2. List of *primers* tested, underlined those that used in this study.

Primer	Seqüência(5' – 3') <i>Sequence(5' – 3')</i>	Primer	Seqüência (5' – 3') <i>Sequence(5' - 3')</i>
<u>OPAL 12</u>	CCCAGGCTAC	OPN 03	GGTACTCCCC
<u>OPB 12</u>	<u>CCTTGACGCA</u>	OPN 07	CAGCCCAGAG
OPB 19	ACCCCCGAAG	<u>OPN 11</u>	<u>TCGCCGCAA</u>
OPG 01	CTACGGAGGA	<u>OPN 12</u>	<u>CACAGACACC</u>
<u>OPG 03</u>	<u>GAGCCCTCCA</u>	OPN 14	TCGTGCGGGT
OPG 10	AGGGCCGTCT	OPN 20	GGTGCTCCGT
OPG 15	ACTGGGACTC	OPR 03	ACACAGAGGG
<u>OPG 17</u>	<u>ACGACCGACA</u>	<u>OPU 15</u>	<u>ACGGGCCAGT</u>
<u>OPH 07</u>	<u>CTGCATCGTG</u>	OPW 11	CTGATGCGTG

1

2 Para a amplificação das seqüências de DNA dos indivíduos foram utilizados dois
3 termocicladores PTC-100 (Programmable Thermal Controller MJ Research, INC.). As
4 condições de amplificações seguiram o protocolo de Casa et al. (2002), descrito a
5 seguir: um ciclo inicial de 92°C por 1 minuto, seguido por 35°C por 1 minuto, 72°C por
6 2 minutos, sendo esta seqüência por 40 ciclos, com uma extensão final de 72°C por 7
7 minutos para a finalização.

8 Após a reação de PCR nos termocicladores, as amostras foram colocadas para
9 migração em gel de agarose a 1,5% e comparadas a um padrão de fragmentos (Gibco
10 BRL com 100 pares de base). Terminada a eletroforese, o gel era visualizado em um
11 trans iluminador de luz ultravioleta (comprimento de onda de 260 nm) e fotografado
12 com máquina digital, para que as bandas fossem comparadas com o padrão de 100 pb,
13 através do programa Kodak EDAS 290 (*Electrophoresis Documentation and Analysis*
14 *System*)(Figura 1).



1
2 Figura 1. Gel de agarose com bandas de DNA das diferentes populações de *P. notatum*,
3 em análise do Primer OPB-12, PM (Peso Molecular).
4 *Figure 1. DNA agarose gel bands of the different P.notatum populations analyzed by primer OPB-12.*
5

6 A seguir foi criada uma matriz binária, atribuindo valor 1 para presença de banda
7 e valor 0 para ausência de banda, utilizando-se o programa “*Numerical Taxonomy and*
8 *Multivariate Analysis System*” NTSYSpc versão 2.1 (Rohlf, 2001). Essa matriz foi
9 analisada e utilizando o coeficiente de Jaccard, foi gerada uma matriz de similaridade,
10 comparando todos os acessos. Uma análise de agrupamento foi realizada utilizando o
11 módulo SAHN do NTSYS e o método da média das distâncias (UPGMA, *Unweighted*
12 *Pair-Group Method using an Arithmetic Average*) e, com isto, foi construído um
13 dendograma de similaridade genética entre os acessos.

14 Para verificar a consistência dos agrupamentos gerados no dendograma, foi
15 montada uma matriz de distância cofenética, utilizando o módulo COPH do programa
16 NTSYS. Logo após, a matriz de similaridade original foi correlacionada com a matriz
17 de distância cofenética usando o módulo MXCOMP do mesmo programa. Finalmente
18 foi realizado o teste de Mantel com 1000 permutações para determinar o nível de
19 significância do coeficiente de correlação entre matriz de similaridade e a matriz
20 cofenética.

1 Entretanto Casa et al. (2002) em estudos com *P. dilatatum* Poiret, obtiveram
2 índices de similaridade genética entre populações sexuais e apomíticas de 0,76 e entre
3 populações apomíticas de 0,91, sendo estes resultados bastante superiores aos
4 encontrados para os acessos de *P. notatum*, no presente estudo.

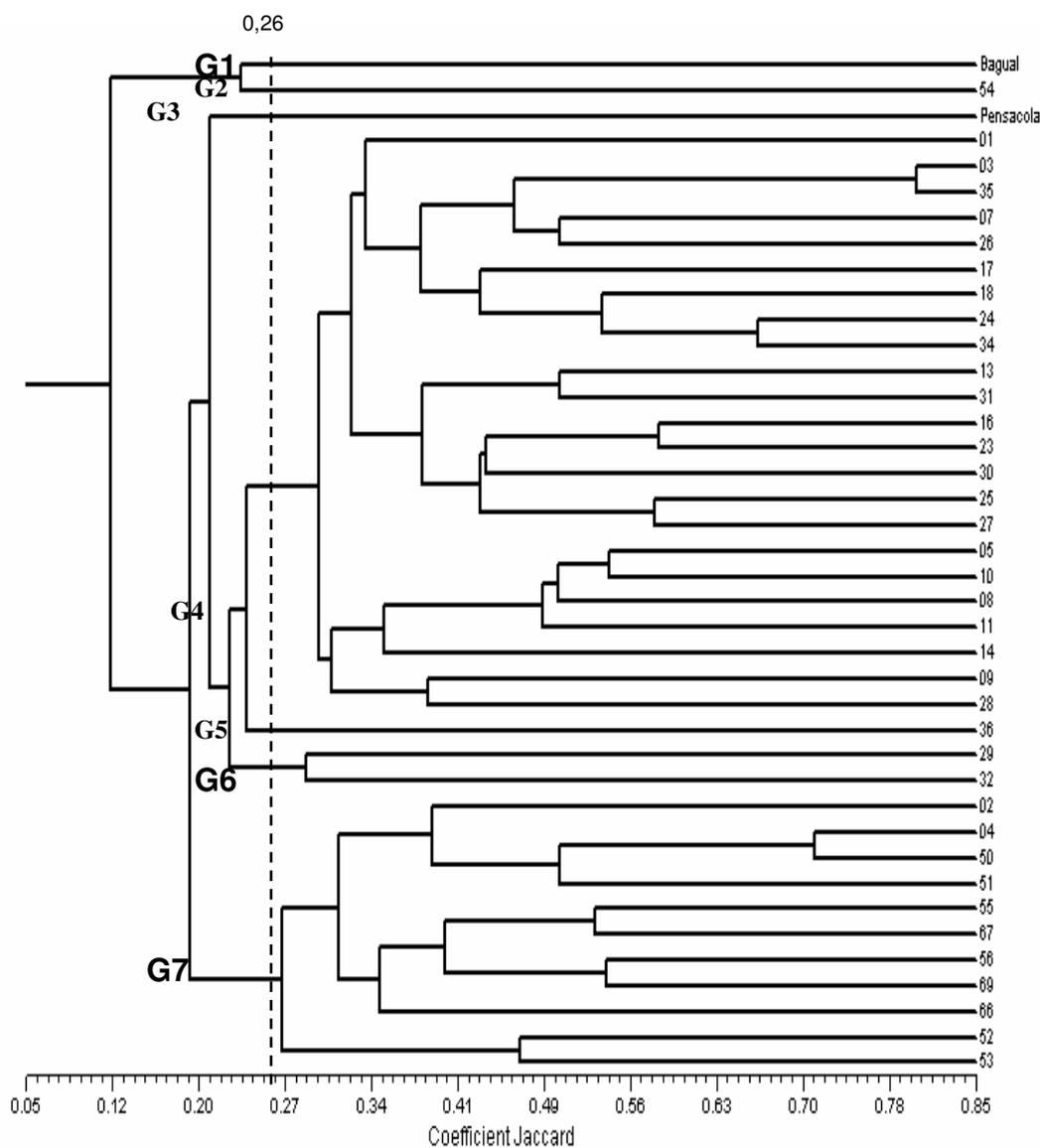
5 Em estudos com *Glycine Max* (L.) Merrill no oeste da Ásia, Zenglu e Randall
6 (2001), encontraram resultados de similaridade genética entre 0,63 e 0,58, sendo estes
7 valores resultados de comparações entre acessos diferentes de uma planta autógama.
8 Estudando espécies de *Adesmia* DC., Dias (2003) encontrou valores de similaridade
9 genética que variaram de 0,31 e 0,47 para as espécies autógamas e valores de 0,19 a
10 0,89 para espécies alógamas. Já Bortolini (2004) em estudos com *Trifolium repens* L.,
11 obteve valores de similaridade genética média entre populações de 0,24. E Yanaka
12 (2002), trabalhando com acessos de *Bromus auleticus* Trin. ex Nees obteve índices de
13 similaridade genética que variaram entre 0,15 e 0,71.

14 Neste estudo foi verificado que o acesso Bagual apresentou menor similaridade
15 média (0,12) em relação a todos os outros acessos, seguido do acesso 31 (André da
16 Rocha) com média de (0,14) e pelos acessos 35 (São Borja) e 36 (San Tomé) com
17 médias de (0,15). A cultivar Pensacola, por sua vez, obteve uma similaridade média de
18 (0,18), sendo um dos valores mais baixos quando comparada à média de todos os outros
19 acessos.

20 Zanettini e Cavalli (2003), ao compararem a variabilidade genética em função do
21 modo de reprodução, afirmaram que a similaridade genética interpopulacional deve ser
22 baixa para plantas autógamas, alta para plantas alógamas e com valores baixos para
23 plantas com comportamento apomítico. Porém as mesmas também afirmaram, que não
24 é somente o modo de reprodução que determina a variabilidade genética entre

1 populações como também outros fatores, como tamanho populacional e isolamento
 2 geográfico, entre outros.

3 Observando o Figura 2, gerada a partir da matriz de similaridade genética (Figura
 4 2), e tomando a similaridade média (0,26) como ponto de corte, verifica-se houve a
 5 formação de sete pontos principais de bifurcação.



6
 7 Figura 2. Dendrograma de similaridade genética dos acessos de *P. notatum* Flüge.

8 *Figure 2. Genetic similarity dendrogram from the P.notatum Flüge accesses.*

9 O primeiro ponto de bifurcação é formado pelo ecótipo Bagual; o segundo
 10 compreende o acesso 54 e o terceiro grupo apresentando somente a cultivar Pensacola;
 11 um quarto ponto de bifurcação corresponde a um grande grupo formado pelos acessos

1 01, 03, 05, 07, 08, 09, 10, 11, 13, 14, 16, 17, 18, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 30, 31, 34, 35; o
2 quinto é formado pelo acesso 36; o sexto corresponde ao grupo compreendendo os
3 acessos 29 e 32; e finalmente o sétimo é formado pelos acessos 02, 04, 50, 51, 52, 53,
4 55, 56, 66 e 69.

5 Quando houve a formação de grupos reunindo vários acessos, observa-se que
6 embora alguns acessos reunidos tenham uma maior similaridade genética, estes por sua
7 vez não estão próximos geograficamente, como ocorre no G4, onde existem acesso de
8 três estados diferentes. Isto demonstra que é possível que tenha ocorrido na evolução
9 dos acessos, uma adaptação muito parecida para locais diferentes, mantendo desta
10 forma o conjunto genético que mais se ajustava ao clima, temperatura, manejo de cada
11 região.

12 Estes resultados demonstram a importância de trabalhos com caracterização
13 genética, pois a formação de grupos de maior similaridade genética pode definir planos
14 de seleção de plantas visando, desta forma, a um futuro programas de melhoramento de
15 plantas. Nesse caso, seriam selecionados os acessos que mais se distanciam
16 geneticamente, para obter uma maior base genética na formação de novos cultivares.

17 **3.6 CONCLUSÃO**

18 Existem baixos níveis de similaridade genética entre os acessos de *P. notatum*,
19 revelando altos índices de variabilidade genética entre os indivíduos, para os *primers*
20 testados neste trabalho.

21 A formação de grupos distanciados geneticamente favorece a seleção de genótipos
22 para a formação de novos cultivares mais aptas às necessidades de produção de
23 forragem.

24 **3.7 LITERATURA CITADA**

- 1 BORTOLINI, F.; DALL`AGNOL, M.; WITTMANN, M.T.S. Molecular
2 characterization of the USDA white clover (*Trifolium repens* L.) core collection by
3 RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. prelo, 2005.
4
- 5 BURTON, G.W. A Cytological Study of Some Species in the Genus *Paspalum*.
6 **Journal of Agricultural Research**. v. 60. n. 3. p. 193-197, Washigton, 1940.
7
- 8 BURTON, G. W., Breeding Pensacola bahiagrass, *Paspalum notatum*: I Method of
9 reproduction. **Agronomy Journal**. n. 47. p. 311-314, Madison, 1955.
10
- 11 CASA, A.M. et al. RAPD Analysis Reveals Genetic Variability Among Sexual and
12 Apomictic *Paspalum dilatatum* Poiret Biotypes. **The Journal of Heredity**. v. 93.
13 n. 4. Cary, 2002.
14
- 15 DAURELIO, L.D. et al. Genetic diversity in sexual diploid and apomictic tetraploid
16 populations of *Paspalum notatum* situated in sympatry or allopatry. **Plant**
17 **Systematics and Evolution**, 244, p. 244-199, Viena, 2004.
18
- 19 DIAS, P.M.B.; DALL`AGNOL, M.; WITTMANN, M.T.S. Genetic diversity in
20 Brazilian species of *Adesmia* DC (Leguminisae) as assessed by RAPD. **Plant**
21 **Genetic Resources**, v.2, n.1, p.43-50.
22
- 23 DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities os
24 fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, Tempe, n. 19, p. 11-15, 1987.
25
- 26 ESPINOZA, F. et al. Effect of pollination timing on the rate of apomictic reproduction
27 revealed by RAPD markers in *Paspalum notatum*. **Annals of Botany**, v. 89.
28 Oxford, 2002, p. 165-170.
29
- 30 FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores**
31 **moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN. p.
32 220, 1996.
33
- 34 MARTINEZ, E.J. et al. Inheritance of apospory in bahiagrass, *Paspalum notatum*.
35 **Hereditas**, n. 135. Lund Sweden, 2001, p. 19-25.
36
- 37 MARTINEZ, E.J. et al. Genetic characterization of apospory in tetraploid *Paspalum*
38 *notatum* based on the identification of linked molecular markers. **Molecular**
39 **Breeding**, n. 12. Berlin, 2003, p. 319-327.
40
- 41 PATERSON, A.H.; TANKSLEY, S.D., SORRELLS, M.E. DNA markers in plant
42 improvement. **Advances in Agronomy**. v. 46. Orlando, 1991, p. 39-90.
43
- 44 QUARÍN, C.L.; NORRMANN, G.A. Interspecific hybrids between five *Paspalum*
45 species. **Botanical Gazette**. Chicago, v. 151. n. 3. p. 366-369, 1990.
46
- 47 ROHLF, F.J. NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis system.
48 Version. 2.1. New York: Exeter Software, 2001.
49

- 1 WILIAMS, J.G.K. et al. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful
2 as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, Oxford, n. 18, p. 6531-6535, 1990.
3
- 4 YANAKA, F.Y. **Caracterização molecular e isoenzimática de acessos de *Bromus***
5 ***auleticus* Trinius (Ex-Nees)**. 2002. 117 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de
6 Pós-graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS. Porto Alegre,
7 2002.
- 8 ZANETTINI, M.H.B.; CAVALLI, S.S. Variabilidade Genética em Função do Modo de
9 Reprodução In: FREITAS, L.B.; BERED, F. **Genética & Evolução Vegetal**.
10 Porto Alegre, Editora da UFRGS. 2003, p. 177-188.
11
- 12 ZENGLU, L.; RANDALL, L.N. Genetic diversity among soybean accessions from
13 three countries measured by RAPDs. **Crop Science**, Madison, v. 41. p.1337-1347,
14 2001.

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25

Capítulo 4

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE *Paspalum notatum* FLÜGGE.

1 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE *Paspalum notatum*

2 FLÜGGE¹

3 Marcelo Gomes Steiner², Maria Teresa Schifino-Wittmann³, Simone Scheffer Basso

4 Meredith⁴, Andréa Célia⁵, Vladirene M. Vieira⁵, Carlos Nabinger⁶, José Francisco

5 Montenegro Valls⁷, Tatiana de Souza Chies⁸, Miguel Dall'Agnol⁹

6 4.1 RESUMO

7 A grama forquilha (*Paspalum notatum* Flügge) é uma importante espécie para a
8 pecuária do sul do Brasil e apresenta uma ampla distribuição geográfica em toda a
9 região. Em função disso, apresenta uma ampla variabilidade morfológica, representada
10 por diferentes ecótipos. Este trabalho tem por objetivo caracterizar a variabilidade
11 morfológica existente entre acessos de *P. notatum*. Para tanto foram analisados 41
12 acessos de *P. notatum* originários de várias partes do Brasil, principalmente do Rio
13 Grande do Sul, cada um representando uma população diferente, e estabelecida
14 individualmente na Faculdade de Agronomia da UFRGS.

15 Foram caracterizados o comprimento, largura, coloração e pilosidade das bainhas
16 foliares; comprimento, largura, ângulo de inserção, coloração da base da nervura central
17 e pilosidade das lâminas foliares; número de nós e o comprimento de entrenós da haste
18 florífera; número, comprimento e angulação de racemos; comprimento de espiguetas e
19 finalmente o hábito de crescimento das plantas. A análise dos resultados através da
20 distância genética de Mahalanobis, indicou uma ampla variabilidade genética em
21 relação aos caracteres morfológicos. Estes resultados mostraram que os acessos 24 (São
22 Borja) e 34 (Arapeí 12) foram os que apresentaram a maior distância (84,31), e que a
23 menor distância (1,61) foi verificada entre os acessos 18 (Lavras do Sul) e 22 (André da
24 Rocha). O comprimento do racemo foi o caráter que apresentou a maior contribuição
25 relativa para a divergência genética com 18,1%, seguido por comprimento de espiguetas
26 com 15,05%, largura de folha com 14% e comprimento de folha com 12,05%.

27
28 **Palavras-chave:** *Paspalum notatum*, caracterização morfológica

29
30 ¹ Artigo escrito nas normas da **Revista Brasileira de Zootecnia (RBZ)**

31 ² Eng. Agrônomo, aluno de mestrado PPG-Zootecnia/UFRGS. Bolsista CAPES. e-mail:
32 mgsteiner@pop.com.br.

33 ³ Biólogo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
34 UFRGS, bolsista do CNPq Av. Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil.

35 ⁴ Eng. Agroônoma, Doutora, Professora UPF, Instituto de Ciências Biológicas, 99001-970. Passo Fundo.

36 ⁵ Aluno de graduação da Faculdade de Agronomia/UFRGS.

37 ⁶ Eng. Agrônomo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
38 UFRGS, Bolsista do CNPq Av. Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil.

39 ⁷ Eng. Agrônomo, PhD. Embrapa, Cenargem, Av. W5 Norte, Caixa Postal 02372, Brasília, DF, e-mail:
40 valls@cenargem.embrapa.br, Bolsista CNPq

41 ⁸ Bióloga, Doutora, Professora Ajunta do Departamento de Botânica, IB, UFRGS, Av. Bento Gonçalves,
42 9500, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil. e-mail: tatiana.chies@ufrgs.br.

43 ⁹ Eng. Agrônomo, Doutor, Professor Ajunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia,
44 UFRGS, Bolsista do CNPq Av. Bento Gonçalves, 7712, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brasil. e-
45 mail: migueld@ufrgs.br, Autor para correspondência.

1 4.2 ABSTRACT

2 *Paspalum notatum* Flügge) is an important species for the beef industry in the
3 Southern Brazil and has a large geographic distribution in this region. For this reason, it
4 has a large morphological variability, represented by many ecotypes. This work had the
5 objective to characterize the morphological variability present among *P.notatum*
6 accesses. A total of 41 accesses were collected and analyzed, most of them originated
7 from the Rio Grande do Sul State and each one of them represented a different
8 population. All the accesses were individually planted at the Faculdade de Agronomia
9 of UFRGS. The characters evaluated were: length, width, color and hairness of the
10 leaves' sheath; length, width, insertion angle, hairness and the color of the central
11 nervure base of the leaves blade; number of nodes and the internode length of the
12 inflorescence; number, length and angle of racemes; spiklet length and finally the
13 plants' growth habit. The results analysis attested by the Mahalanobis genetic distance
14 pointed out to a large genetic variation in relation to the morphological characters.
15 These results showed that the accesses 24 (São Borja) and 34 (Arapeí 12) presented the
16 largest distance (84,31) and the smallest (1,61) was presented by the accesses 18
17 (Lavras do Sul) and 22 (André da Rocha). The raceme length was the character with the
18 largest contribution for the genetic divergence with 18,1%, followed by the spiklet
19 | length (15,05), leaf width (14%) and leaf length (12,05).

20
21 **Key words:** *Paspalum notatum*, morphological characterization
22

23 4.3 INTRODUÇÃO

24 O gênero *Paspalum* L. compreende cerca de 400 espécies, todas originárias de
25 regiões de clima tropical e subtropical. São plantas perenes, raramente anuais,
26 cespitosas, decumbentes, estoloníferas ou rizomatosas, de porte variado (Pizarro, 2000).
27 A constatação da importância das espécies de *Paspalum* para o aumento da
28 produtividade das pastagens naturais resultou em um crescente interesse por sua
29 possível utilização em cultivos forrageiros intensivos (Canto-Dorow et al., 1996).

30 *Paspalum notatum* Flugge é uma espécie polimorfa que habita as savanas, estepes
31 e pradarias, desde o México até os campos da região do rio da Prata. Dada à sua vasta
32 distribuição, esta espécie se caracteriza pela grande variabilidade, especialmente dos
33 seus órgãos vegetativos, conferindo uma adaptação aos ambientes onde crescem
34 (Parodi, 1948). Canto-Dorow (1993) ressaltou a grande diversidade de *P. notatum*,
35 denominando de biótipos os diferentes tipos morfológicos. A referida autora, baseando-
36 se na literatura, descreveu biótipo como um grupo de indivíduos, geneticamente iguais,

1 que mantém suas características em ambientes diferentes, e ecótipo, como um tipo
2 morfológico relacionado a um ambiente particular.

3 Segundo Burton (1967), desde 1936, variedades superiores de *P. notatum* têm
4 sido selecionadas, testando centenas de ecótipos oriundos dos EUA e da América
5 Latina. A grande diversidade existente nos ecótipos sul-americanos sugere que a
6 América seja o centro de origem da espécie. *Paspalum notatum* é considerada uma das
7 forrageiras mais promissoras no Rio Grande do Sul e devido a isto, sempre foi alvo de
8 estudos e observações por parte dos pesquisadores (Canto-Dorow, 1993)

9 Parodi (1948) descreveu *P. notatum* como apresentando três variedades; a
10 variedade *typicum*, planta com rizomas pouco desenvolvidos, folhas glabras ou pouco
11 pubescentes, com lâminas planas, lanceoladas, geralmente menores que 15 cm de
12 comprimento. Esta apresenta haste florífera menor que 50 cm, racemos variando de 3 a
13 8 cm e é tetraplóide ($2n = 40$); a variedade *saurae* é descrita com rizomas bastante
14 desenvolvidos, colmos eretos, lâminas lanceoladas de 35 cm de comprimento, haste
15 florífera de 40 a 70 cm com racemos de 7 a 15 cm, diplóide sendo ($2n = 20$); e,
16 finalmente a variedade *latiflorum* é descrita como planta vigorosa, com rizomas
17 rasteiros, haste florífera de 30 a 100 cm, com bainhas glabras ou pilosas, lâminas de 4 a
18 10 mm de largura e de 10 a 45 cm de comprimento. Já Canto-Dorow et al. (1996)
19 descreveu como válidas somente as variedades *notatum* e *saurae*. As principais
20 diferenças entre estas consistem no fato de que a var. *notatum* é apomítica, apresenta
21 inflorescências formadas por 2 (3) ramos conjugados, espiguetas com 3,1-3,7 mm de
22 comprimento, 1,8-2,7 mm de largura e base da nervura central da folha esverdeada
23 enquanto que a variedade *saurae* apresenta reprodução sexual, auto-incompatível,
24 inflorescências formadas por (2) 3-5 ramos alternos, espiguetas com 2,7-2,8mm de
25 comprimento, 1,6-2,1 mm de largura e cor da base da nervura central esbranquiçada.

4.4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em casa de vegetação no Departamento de Forrageiras e Agrometeorologia da Faculdade de Agronomia da UFRGS, em Porto Alegre.

Para a caracterização morfológica foram utilizadas plantas coletadas em diferentes locais, principalmente, no estado do RS (Tabela 1).

Tabela 1. Origem dos diversos acessos de *P. notatum*.

Table 1. Origin of the different *P. notatum* accesses.

Código	Código de Acesso	Local	Coordenadas
1	V14244 "A"	Uruguaiiana - RS	Long -57° Lat -29,7°
2	V14244 "E"	Uruguaiiana - RS	Long -57° Lat -29,7°
3	V14244"H"	Uruguaiiana - RS	Long -57° Lat -29,7°
4	V14310	Barra do Quaraí - RS	Long -57,4° Lat -30,1°
5	V14326	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
6	V14327	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
7	V14614	Itaquiraí - MS	Long -54,1° Lat -23,3°
8	V14783	Vale do Sol - RS	Long -52,7° Lat -29,6°
9	V14287	Candói - PR	Long -52° Lat -25,5°
10	V14282	Candói - PR	Long -52° Lat -25,5°
11	V14865	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
12	V14869	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
13	V14870	Capivari do Sul - RS	Long -50,5° Lat -30,2°
14	MD s/n°	Encruzilhada do Sul - RS	Long -52,6° Lat -30,6°
15	MD s/n°	Encruzilhada do Sul - RS	Long -52,6° Lat -30,6°
16	MD s/n°	Lavras do Sul - RS	Long -54° Lat -30,9°
17	MD s/n°	Caçapava do Sul - RS	Long -53,5° Lat -30,5°
18	MD s/n°	Lavras do Sul - RS	Long -54° Lat -30,9°
19	MD s/n°	Caçapava do Sul - RS	Long -53,5° Lat -30,5°
20	MD s/n°	Lavras do Sul - RS	Long -54° Lat -30,9°
21	MD s/n°	Bagé - RS	Long -54,1° Lat -31,3°
22	MD s/n°	André da Rocha - RS	Long -51,5° Lat -28,6°
23	MD s/n°	Vacaria - RS	Long -51° Lat -28,5°
24	MD s/n°	São Borja - RS	Long -55,9° Lat -28,7°
25	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
26	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
27	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
28	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
29	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
30	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
31	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
32	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
33	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
34	CN s/n°	Santo Tomé - AR	**
35	MD s/n°	Mostardas - RS	Long -50,7° Lat -30,8°
36	CN s/n°	Piracicaba - SP	Long -47,9° Lat -22,7°
37	AM s/n°	Posadas - AR	**
38	St s/n°	Santiago - RS	Long -54,8° Lat -29,2°
39	V14931	Alegrete - RS	Long -55,8° Lat -29,8°
40	MD s/n°	Colonia - UY	**
41	MD s/n°	Colonia - UY	**

V = Valls, J.F.M., CN = Nabinger, C., MD = Dall'Agnol, M., St = Steiner, M.G., **

Não Disponível

As plantas foram mantidas em vasos com substrato comercial e periodicamente

irrigadas e adubadas, conforme a necessidade (Figura 1).



1
2 **Figura 1. A – Disposição dos acessos de *P. notatum* e B – medições das lâminas**
3 **foliares.**

4 *Figure 1.A -Disposition of *P.notatum* accesses. and B- leaf blades evaluation.*

5
6 As medidas foram realizadas no estágio de florescimento pleno, compreendendo
7 os meses de janeiro de 2005 a fevereiro de 2005, visando a padronização das medições
8 com o estágio fenológico das plantas.

9 Foram avaliadas, em cada um dos acessos, as seguintes características: bainhas
10 foliares, lâminas foliares, hastes floríferas, inflorescências e hábito de crescimento. As
11 medidas foram realizadas através de uma régua graduada em milímetros, exceto para as
12 medidas de angulação quando foi utilizado um transferidor. As avaliações
13 contemplaram dez perfilhos de cada acesso para todas as avaliações.

14 As avaliações da bainha abrangeram a largura, o comprimento, a presença de
15 pilosidade e a coloração. A seguir foi realizada a medição da lâmina foliar, sendo
16 medido comprimento, largura, pilosidade, cor da base da nervura central e angulação de
17 inserção. Na medição da afilho reprodutivo foram anotados o número de nós e
18 comprimento de entrenós. Com relação à inflorescência foram medidos os números de
19 racemos, comprimento e angulação dos racemos e comprimento das espiguetas.
20 Finalmente, foi avaliada a altura das plantas pela média da folhagem e hábito de
21 crescimento, sendo atribuídos os tipos ereto, decumbente e prostrado.

22 As variáveis avaliadas foram submetidas à análise estatística através do Programa
23 Genes (Cruz, 2001), sendo os dados analisados pelo procedimento de análise

1 multivariada, objetivando obter informações sobre a importância relativa dos caracteres
2 avaliados e o grau de dissimilaridade genética entre os acessos na coleção. Para isso, foi
3 gerada uma matriz de dissimilaridade através da distância de Mahalanobis, que
4 padroniza os dados para estimar a variância. A importância relativa dos caracteres,
5 produzida pela distância de Mahalanobis, foi realizada através da análise obtida via
6 método de Singh, realizado a partir das médias não padronizadas.

7 Finalmente para a análise dos resultados, foi utilizado o método de agrupamento
8 hierárquico de Tocher, de tal forma que existisse homogeneidade dentro do grupo e
9 heterogeneidade entre grupos.

10 **4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

11 Os valores médios e os desvios-padrões das características morfológicas avaliadas
12 dos acessos encontram-se na Tabela 2.

13 Para as bainhas foliares medidas, o que apresentou maior comprimento foi o
14 acesso 3 (Uruguaiana), apresentando 6,3 cm com desvio padrão (s) de 1,5, e o menor
15 comprimento medido foi do acesso 24 (São Borja) com 2,8 cm e $s=1,1$. No que se refere
16 à largura da bainha, o maior valor foi apresentado pelo acesso 37 (Posadas) com 1,3 cm
17 e $s=0,3$, e os menores valores são referentes aos acessos 12 (Capivari do Sul), 20
18 (Lavras do Sul) e 32 (Santo Tomé) com 0,5 cm e $s = 0,2, 0,1$ e $0,1$, respectivamente. Em
19 relação à cor da bainha, vários acessos apresentaram o valor máximo, que representa a
20 cor violácea 2,0; entre eles estão os acessos 2, 9, 10, 11, 13, 14, 24, 25, 28, 29, 36 e 41,
21 com s variando entre 0,0 e 0,5, sendo que o acesso que apresentou o menor valor foi o
22 27 com valor 1,0 que representa a cor verde e $s=0,0$. Finalmente com relação à
23 pilosidade da bainha, a maioria dos acessos apresentou glabro (valor 2,0), e o menor
24 valor observado foi o do acesso 36 (Posadas) apresentando-se completamente piloso
25 (valor 1,0).

1 Em relação às lâminas foliares, o acesso que apresentou maior comprimento foi o
2 acesso 31 (Santo Tomé) com 28,8 cm e $s=6,6$, o menor valor foi apresentado pelo
3 acesso 24 (São Borja) com 6,8 cm e $s=1,4$. Na medida de largura de folhas, dois acessos
4 8 (Vale do Sol) e 37 (Posadas) apresentaram o maior valor 1,1 cm com $s=0,2$ e os
5 menores valores foram apresentados pelos acessos 1, 2, 12 e 20, todos com 0,5 cm e
6 $s=0,1$. Com relação à angulação de inserção das folhas, o máximo valor obtido foi o do
7 acesso 12 (Capivari do Sul) com 62,0 graus e $s=34,5$, e o menor valor foi apresentado
8 pelo acesso 6 (Capivari do Sul) com 25,0 graus e $s=16,7$. Quanto à avaliação da cor da
9 base da nervura central da folha 12 acessos apresentaram o valor 2,0 que representa a
10 cor verde, sendo estes, 5, 7, 10, 13, 16, 17, 20, 21, 22, 24, 29 e 34, todos com $s=0,0$, e
11 dois acessos obtiveram valor 1,0 que representa a coloração esbranquiçada, sendo estes
12 os acessos 2 e 11 ambos com $s=0,0$. Finalmente, para a medida de pilosidade das
13 lâminas foliares, 31 acessos apresentaram valor 2,0 que significa ausência de pilosidade,
14 e os acessos com menor valor foram os que apresentaram valores 1,0 que significa
15 pilosidade, sendo estes 6 (Capivari do Sul) e 8 (Vale do Sol).

16 Na avaliação das hastas floríferas foi medido o número de nós e o acesso com
17 maior valor foi o 1 (Uruguaiana) com 3,5 e $s=0,7$, o menor valor foi apresentado pelo
18 acesso 11 (Capivari do Sul) com 1,9 e $s=0,3$. Já na avaliação de comprimento de
19 entrenós floríferos, o maior valor apresentado foi o do acesso 34 (Santo Tomé) com
20 11,1 cm e $s=2,8$, sendo o menor valor apresentado pelo acesso 24 (São Borja), com
21 4,2cm e $s=1,5$.

22 Já com relação à inflorescência, na avaliação de número de racemos, destaca-se o
23 acesso 1 (Uruguaiana) com 3,1 racemos e $s=0,6$, sendo que 27 acessos obtiveram
24 valores de 2,0 racemos com $s=0,0$. Na avaliação de comprimento de racemo, o maior
25 valor obtido foi o do acesso 4 (Barra do Quaraí) com 13,1cm e $s=1,2$, o menor valor

1 apresentado foi o do acesso 24 (São Borja) com 4,3 cm e $s=0,5$. Com relação ao
2 comprimento de espiguetas, 10 acessos apresentaram valores de 0,4 cm, e o menor valor
3 obtido foi o do acesso 14 (Encruzilhada do Sul) com 0,2 cm e $s=0,0$. Na avaliação de
4 angulação dos racemos, o maior valor obtido foi o do acesso 8 (Vale do Sol) com 59° e
5 $s=13,5$, o menor valor apresentado foi o do acesso 23 (Vacaria) com $13,2^\circ$ e $s=8,8$.

6 Finalmente, na avaliação do hábito de crescimento das plantas, 19 acessos
7 apresentaram valor 3,0 que representa hábito prostrado, 13 acessos valor 2,0 que
8 representa hábito decumbente e os outros 9 acessos restantes hábito ereto. A média geral
9 de todos os acessos para o hábito de crescimento foi de 2,2, sugerindo desta maneira
10 que os acessos avaliados apresentam, na média, um hábito mais próximo ao
11 decumbente.

12 Considerando-se a média geral de todos os acessos, visando a caracterização geral
13 dos acessos, os resultados foram os seguintes. Comprimento das bainhas foliares (4,2
14 $\text{cm} \pm 1,2$), largura das bainhas foliares (0,7 $\text{cm} \pm 0,1$), com coloração esverdeada
15 podendo aparecer acessos com coloração violácea, e na maioria com bainhas glabras,
16 podendo aparecer pilosidades. Com relação às lâminas foliares, o comprimento foi de
17 (17,2 $\text{cm} \pm 4,4$), com largura de lâminas de (0,8 $\text{cm} \pm 0,1$), angulação de inserção de
18 folhas de (41 $\text{graus} \pm 11,8$), cor da base da nervura central foi esverdeada, podendo
19 apresentar indivíduos com coloração esbranquiçada na nervura central, na maioria das
20 vezes apresentaram lâminas foliares glabras, porém com presença de pilosidades em
21 alguns acessos. Em relação aos filhos reprodutivos, estas apresentaram número de nós
22 de (2,8 $\pm 0,5$) e comprimento de entrenós de (7,4 $\text{cm} \pm 2,0$). Finalmente, em relação às
23 inflorescências, estas apresentaram número de racemos de (2,1 $\pm 0,1$), comprimento de
24 racemos de (8,2 $\text{cm} \pm 1,3$), comprimento de espiguetas de (0,3 $\text{cm} \pm 0,0$), angulação de
25 racemos de (30,6 $\text{graus} \pm 11,7$). Com relação ao hábito dos acessos estudados, a maioria

1 apresentou porte decumbente, podendo aparecer indivíduos de porte ereto e outros de
2 porte prostrado.

3 Tabela 2. Características morfológicas dos acessos de *P. notatum* (M = média e s =
4 desvio-padrão).

5 Table 2. Morphological characteristics of *P. notatum* accesses (A=average and s = standard deviation)

Acesso	BC	BL	BCr	BP	FC	FL	FA	FCNC	FP	NN	CEN	NR	RC	EC	RA	HÁ
	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	M s	
1	5,5 1,5	0,6 0,1	1,7 0,5	2,0 0,0	15,1 4,5	0,5 0,1	37,0 12,7	1,8 0,4	2,0 0,0	3,5 0,7	6,1 3,1	3,1 0,6	7,7 0,9	0,3 0,0	47,5 5,4	3,0
2	3,9 1,4	0,6 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	16,4 3,5	0,5 0,1	54,0 14,5	1,0 0,0	2,0 0,0	3,1 0,6	5,9 2,9	2,0 0,0	6,9 2,2	0,3 0,0	18,5 10,3	3,0
3	6,3 1,5	0,6 0,1	1,7 0,5	2,0 0,0	16,9 3,0	0,7 0,0	30,0 11,8	1,1 0,3	1,9 0,3	3,0 0,8	9,9 3,7	2,6 0,5	7,6 1,8	0,3 0,0	46,0 13,1	1,0
4	4,6 1,1	0,8 0,2	1,7 0,5	2,0 0,0	21,0 6,1	1,0 0,1	43,0 11,6	1,6 0,5	1,6 0,5	2,9 0,6	10,0 3,6	2,1 0,3	13,1 1,2	0,4 0,0	26,0 12,9	2,0
5	3,5 1,0	0,7 0,1	1,7 0,5	1,8 0,4	14,2 3,5	0,9 0,1	43,5 10,6	2,0 0,0	1,3 0,5	2,6 0,7	7,4 2,5	2,0 0,0	7,4 0,6	0,3 0,1	42,5 10,1	3,0
6	3,0 0,5	0,7 0,2	1,7 0,5	1,2 0,4	15,6 4,0	0,8 0,1	25,0 16,7	1,6 0,5	1,0 0,0	3,0 0,0	6,5 1,1	2,0 0,0	7,9 0,4	0,3 0,0	39,0 15,2	2,0
7	4,1 1,0	0,8 0,2	1,8 0,4	1,7 0,5	17,0 5,4	0,8 0,1	41,5 13,8	2,0 0,0	2,0 0,0	3,0 0,7	6,3 2,2	2,0 0,0	8,2 0,7	0,3 0,0	34,2 13,1	2,0
8	5,5 1,6	1,0 0,1	1,4 0,5	1,9 0,3	14,9 2,9	1,1 0,2	49,0 14,3	1,9 0,3	1,0 0,0	2,9 0,6	6,5 1,8	2,0 0,0	8,1 2,2	0,4 0,0	59,0 13,5	3,0
9	4,9 1,8	0,7 0,1	2,0 0,0	1,1 0,3	14,5 2,4	0,8 0,1	40,5 16,2	1,9 0,3	2,0 0,0	2,6 0,5	6,5 2,3	2,0 0,0	6,0 1,4	0,3 0,0	28,0 11,6	1,0
10	3,3 0,4	0,7 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	18,2 4,6	0,8 0,1	34,5 9,8	2,0 0,0	2,0 0,0	2,7 0,5	6,7 1,9	2,0 0,0	7,2 0,7	0,3 0,0	18,4 11,9	2,0
11	5,2 2,2	0,9 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	20,6 4,2	0,8 0,1	33,0 8,2	1,0 0,0	2,0 0,0	1,9 0,3	8,3 2,4	2,0 0,0	8,2 0,6	0,4 0,0	37,5 6,3	3,0
12	3,2 0,9	0,5 0,2	1,6 0,5	2,0 0,0	17,7 3,8	0,5 0,1	62,0 34,5	1,4 0,5	2,0 0,0	3,1 0,6	7,6 1,2	2,0 0,0	7,8 1,9	0,3 0,0	14,5 10,1	3,0
13	4,1 1,0	0,7 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	15,5 2,6	0,6 0,1	41,5 14,0	2,0 0,0	1,1 0,3	2,8 0,4	6,2 4,0	2,0 0,0	7,2 1,3	0,3 0,0	26,8 15,7	3,0
14	4,4 0,8	0,8 0,1	2,0 0,0	1,1 0,3	14,8 2,1	0,8 0,1	36,7 16,9	1,9 0,3	2,0 0,0	2,9 0,6	5,5 1,5	2,0 0,0	6,4 1,0	0,2 0,0	34,5 12,3	1,0
15	3,4 0,7	0,7 0,1	1,9 0,3	2,0 0,0	13,2 2,6	0,7 0,1	33,5 7,5	1,7 0,5	2,0 0,0	2,7 0,5	6,0 1,5	2,0 0,0	6,2 0,8	0,3 0,0	17,2 7,6	3,0
16	5,2 2,0	0,6 0,1	1,7 0,5	2,0 0,0	14,8 4,0	0,7 0,2	42,5 5,9	2,0 0,0	2,0 0,0	2,7 0,5	7,7 2,4	2,1 0,3	7,1 0,7	0,4 0,1	21,8 13,0	1,0
17	3,3 0,8	0,7 0,1	1,9 0,3	2,0 0,0	15,1 4,5	0,7 0,1	38,0 8,6	2,0 0,0	2,0 0,0	2,8 0,4	6,1 1,9	2,0 0,0	5,4 1,3	0,3 0,0	24,7 11,8	2,0
18	3,8 1,1	0,7 0,1	1,9 0,3	2,0 0,0	15,1 4,3	0,6 0,1	29,5 8,0	1,9 0,3	2,0 0,0	2,3 0,5	6,5 2,0	2,0 0,0	6,0 0,8	0,3 0,0	22,5 9,8	2,0
19	3,5 1,0	0,6 0,2	1,6 0,5	2,0 0,0	14,0 3,8	0,6 0,1	48,0 9,2	1,7 0,5	2,0 0,0	2,3 0,5	8,2 2,2	2,0 0,0	5,3 1,1	0,3 0,0	19,0 3,9	2,0
20	4,2 0,9	0,5 0,1	1,9 0,3	2,0 0,0	11,3 3,3	0,5 0,1	44,0 9,7	2,0 0,0	2,0 0,0	3,2 0,6	4,4 1,4	2,0 0,0	5,8 0,8	0,3 0,0	21,2 9,9	3,0
21	3,8 1,9	0,8 0,3	1,6 0,5	2,0 0,0	16,5 3,9	0,8 0,1	51,5 17,5	2,0 0,0	2,0 0,0	2,1 0,3	9,0 1,7	2,1 0,3	8,2 0,9	0,3 0,0	15,1 13,1	1,0
22	3,0 0,6	0,7 0,1	1,7 0,5	2,0 0,0	14,2 2,5	0,6 0,1	37,0 7,9	2,0 0,0	2,0 0,0	2,5 0,5	5,9 1,6	2,0 0,0	5,2 1,2	0,3 0,0	17,0 8,3	3,0
23	4,4 1,0	0,8 0,1	1,6 0,5	2,0 0,0	17,4 6,6	0,8 0,1	43,0 17,5	1,9 0,3	2,0 0,0	2,6 0,5	5,5 1,2	2,0 0,0	7,7 0,6	0,3 0,0	13,2 8,8	1,0
24	2,8 1,1	0,8 0,3	2,0 0,0	2,0 0,0	6,8 1,4	0,7 0,1	55,5 11,2	2,0 0,0	2,0 0,0	2,4 0,7	4,2 1,5	2,0 0,0	4,3 0,5	0,3 0,0	13,5 4,1	2,0
25	3,7 0,5	0,7 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	22,1 4,6	0,9 0,1	40,0 8,8	1,4 0,5	2,0 0,0	2,8 0,4	5,1 1,0	2,0 0,0	7,4 1,9	0,3 0,0	21,2 12,4	1,0
26	4,3 0,5	0,8 0,1	1,9 0,3	2,0 0,0	27,2 7,4	0,8 0,1	38,0 5,4	1,2 0,4	2,0 0,0	3,0 0,0	9,0 1,2	2,1 0,3	10,3 1,8	0,3 0,0	31,2 14,0	1,0
27	6,7 1,0	0,9 0,2	1,0 0,0	2,0 0,0	28,4 9,1	0,8 0,1	25,5 7,2	1,4 0,5	2,0 0,0	3,0 0,7	8,9 2,0	2,0 0,0	11,0 1,6	0,4 0,0	41,5 16,7	3,0
28	4,8 0,6	0,8 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	21,6 5,7	0,8 0,1	30,0 6,2	1,3 0,5	2,0 0,0	3,1 0,6	8,8 2,2	2,2 0,4	10,7 1,9	0,4 0,0	44,0 10,2	3,0
29	3,9 0,8	0,8 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	26,5 7,1	0,8 0,1	35,5 11,2	2,0 0,0	2,0 0,0	3,0 0,0	7,5 1,5	2,0 0,0	9,0 3,3	0,3 0,0	38,0 16,4	1,0
30	3,9 0,9	0,8 0,1	1,2 0,4	2,0 0,0	19,9 3,7	0,8 0,1	32,0 8,2	1,3 0,5	2,0 0,0	2,9 0,3	8,8 1,0	2,0 0,0	9,2 1,3	0,3 0,0	19,5 7,2	3,0
31	4,4 1,2	0,7 0,1	1,2 0,4	2,0 0,0	28,5 6,6	0,8 0,1	39,5 6,9	1,6 0,5	2,0 0,0	3,1 0,6	8,4 2,5	2,1 0,3	11,5 2,0	0,3 0,0	48,0 17,0	3,0
32	4,2 1,6	0,5 0,1	1,3 0,5	2,0 0,0	12,3 4,6	0,6 0,1	45,5 8,6	1,9 0,3	2,0 0,0	3,0 0,5	8,3 1,1	2,1 0,3	10,1 1,8	0,3 0,0	35,5 11,4	2,0
33	3,8 1,5	0,6 0,2	1,3 0,5	2,0 0,0	15,3 8,1	0,8 0,1	52,0 14,0	1,8 0,4	2,0 0,0	3,1 0,6	8,2 2,1	2,1 0,3	9,7 2,4	0,4 0,0	34,8 11,3	2,0
34	5,8 1,5	0,8 0,1	1,4 0,5	2,0 0,0	31,2 9,6	0,9 0,1	33,5 5,8	2,0 0,0	1,0 0,0	2,9 0,6	11,1 2,8	2,0 0,0	12,9 2,3	0,3 0,0	46,5 13,6	2,0
35	3,8 1,0	0,7 0,1	1,4 0,5	2,0 0,0	22,3 2,6	0,8 0,1	34,0 4,6	1,5 0,5	1,7 0,5	3,0 0,0	9,0 2,1	2,1 0,3	9,9 1,3	0,3 0,0	44,0 11,3	3,0
36	4,9 3,2	0,7 0,1	2,0 0,0	1,0 0,0	14,0 4,2	0,8 0,1	46,0 19,4	1,9 0,3	2,0 0,0	3,1 0,3	6,4 0,8	2,1 0,3	8,5 1,2	0,3 0,0	32,5 12,5	3,0
37	5,2 3,1	1,3 0,3	1,3 0,5	1,9 0,3	11,6 3,1	1,1 0,2	56,0 20,7	1,5 0,5	2,0 0,0	2,2 0,6	8,2 1,6	2,0 0,0	9,0 0,6	0,3 0,0	37,0 9,2	2,0
38	5,4 1,0	0,8 0,1	1,5 0,5	2,0 0,0	19,3 2,9	0,9 0,1	39,0 9,9	1,7 0,5	2,0 0,0	2,7 0,7	9,7 2,9	2,0 0,0	11,6 1,9	0,3 0,1	21,5 13,3	2,0
39	3,0 0,7	0,6 0,1	1,4 0,5	2,0 0,0	11,6 4,2	0,8 0,2	51,5 13,3	1,9 0,3	2,0 0,0	2,5 0,5	9,2 1,7	2,0 0,0	8,8 0,8	0,4 0,0	46,0 22,0	3,0
40	3,2 1,0	0,6 0,1	1,6 0,5	2,0 0,0	11,3 2,5	0,7 0,1	46,0 12,6	1,5 0,5	1,7 0,5	3,1 0,7	7,1 2,9	2,3 0,5	8,0 1,5	0,4 0,0	28,0 15,1	3,0
41	4,2 0,8	0,7 0,1	2,0 0,0	2,0 0,0	12,6 3,3	0,8 0,1	44,0 11,7	1,3 0,5	1,9 0,3	2,4 0,7	8,9 1,6	2,2 0,4	7,9 1,7	0,4 0,1	28,0 12,3	3,0
MG	4,2 1,2	0,7 0,1	1,7 0,3	1,9 0,1	17,2 4,4	0,8 0,1	41,0 11,8	1,7 0,3	1,9 0,1	2,8 0,5	7,4 2,0	2,1 0,1	8,2 1,3	0,3 0,0	30,6 11,7	2,2

6 BCr = cor da bainha (1= verde, 2= violácea); BP = pilosidade da bainha (1= pilosa, 2 = glabra); FC =
7 comprimento de lâmina foliar; FL = largura de lâmina foliar; FA = angulação e inserção da lâmina foliar;
8 FCNC = cor da nervura central da lâmina foliar (1= esbranquiçado, 2= esverdeado); FP = pilosidade de
9 lâmina foliar (1= pilosa, 2= glabra); NN = número de nós; CEN = comprimento de entrenós; NR =
10 número de racemos; RC = comprimento de racemos; EC = comprimento de espiguetas; RA = angulação de
11 racemos; HÁ = habito da planta (1= ereto, 2 decumbente, 3= prostrado).

12 BL = blade length; BW = blade width; BC = blade color (1 = green, 2 = violet); BH = blade hairness (1 =
13 hairy, 2= hairless);

14

15

16 Os resultados da análise de divergência genética através da distância de
17 Mahalanobis entre os acessos, com base nos caracteres morfológicos, , considerando
18 dez repetições por acesso, encontram-se na Tabela 3.

1
23 Tabela 3. Estatísticas descritivas obtidas pela análise da distância
4 de Mahalanobis.5 *Table 3. Descriptive statistics obtained by the Mahalanonis distance analysis.*

Variável	Variância	Média	Máximo	Mínimo
BC	0,88367	4,233902	6,69	2,75
BL	0,18453	0,723171	1,25	0,5
FC	28,31894	17,222683	31,2	6,77
FL	0,019223	0,750859	1,14	0,46
FA	73,26195	41,017073	62,0	25,0
NN	0,111695	2,792683	3,5	1,9
CEN	2,575125	7,45639	11,09	4,24
NR	0,03911	2,080488	3,1	2,0
RC	4,250703	8,198537	13,1	4,28
EC	0,00161	0,318293	0,4	0,2
RA	138,367975	30,604878	59,0	13,2
Totais	247,848453			

6 BC = comprimento de bainhas, BL = largura de bainhas, FC = comprimento
7 de folhas, NN = número de nós, CEN = comprimento de entrenós, NR =
8 número de racemos, RC = comprimento de racemos, EC = comprimento de
9 espiguetas, RA, angulação dos racemos.
10

11 Analisando a tabela acima, pode-se observar que o caractere que apresentou a
12 maior variação corresponde à angulação dos racemos, a qual obteve valor de 138,
13 variando de 59 a 13, sendo seguida pela angulação da inserção da folha 73 e pelo
14 comprimento de lâminas foliares com o valor de 28.

15 Analisando os resultados do grupamento pelo método de Tocher (Tabela 4), os
16 acessos estudados formaram seis grupos distintos, sendo o grupo 1 formado pelos
17 acessos 2, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 25, 26, 27, 28, 30,
18 32, 33, 35, 36, 38, 39, 40 e 41, o grupo 2 formado pelos acessos 4, 27, 31, e 34, o grupo
19 3 formado pelos acessos 1 e 3, o grupo 4 pelos acessos 8 e 37, o grupo 5 pelo acesso 14,
20 e finalmente o grupo 6 pelo acesso 24.

21 Na formação dos grupos 1 e 6, o principal fator de variação foi o FA, enquanto
22 que para a formação do grupo 2 foi o RA e na formação dos grupos 3, 4 e 5 foram FA e
23 RA (Tabela 4).

1

2
3

Tabela 4. Caracterização dos seis grupos formados pelo método de Tocher (valores médios, máximos e mínimos de cada grupo para as onze variáveis).

4
5

Table 4. Characterization of the six groups formed by the Tocher method (minimum, average and maximum values within each group for the eleven variables).

Grupos		BC	BL	FC	FL	FA	NN	CEN	NR	RC	EC	RA
1	Méd	3,95	0,69	16,67	0,73	41,16	2,76	7,32	2,04	7,88	0,31	27,59
	Max	5,38	0,87	27,17	0,88	25,00	3,20	9,65	2,00	11,63	0,38	46,00
	Min	2,98	0,50	11,25	0,46	0,62	1,90	4,35	2,30	5,18	0,26	13,20
2	Méd	5,45	0,79	27,28	0,87	35,37	2,97	9,59	2,05	12,13	0,35	10,50
	Max	6,63	0,91	31,20	0,97	43,00	3,10	11,09	2,10	13,10	0,40	48,00
	Min	4,35	0,71	21,02	0,82	25,50	2,90	8,41	2,00	10,98	0,30	26,00
3	Méd	5,88	0,58	15,98	0,60	33,5	3,25	7,99	2,85	7,65	0,32	46,75
	Max	6,28	0,60	16,92	0,68	37,00	3,50	9,91	3,10	7,74	0,33	47,50
	Min	5,49	0,56	15,05	0,53	30,00	3,00	6,08	2,60	7,56	0,31	46,00
4	Méd	5,34	1,13	13,28	1,10	52,50	2,55	7,37	2,00	8,56	0,34	48,00
	Max	5,54	1,25	14,92	1,14	56,00	2,90	8,23	2,00	9,02	0,39	59,00
	Min	5,15	1,01	11,64	1,06	49,00	2,20	6,52	2,00	8,10	0,30	37,00
5	Méd	4,36	0,77	14,75	0,80	36,70	2,90	5,49	2,00	6,43	0,20	34,50
	Max	4,36	0,77	14,75	0,80	36,70	2,90	5,49	2,00	6,43	0,20	34,50
	Min	4,36	0,77	14,75	0,80	36,70	2,90	5,49	2,00	6,43	0,20	34,50
6	Méd	2,75	0,80	6,77	0,65	55,50	2,40	4,24	2,00	4,28	0,31	13,50
	Max	2,75	0,80	6,77	0,65	55,50	2,40	4,24	2,00	4,28	0,31	13,50
	Min	2,75	0,80	6,77	0,65	55,50	2,40	4,24	2,00	4,28	0,31	13,50
Media		4,62	0,79	15,75	0,79	42,46	2,81	7,00	2,16	7,82	0,31	30,14

6

7

Além disso, também foi observado que o grupo 2 foi o que apresentou maiores comprimentos de folhas (FC) (média = 27,28 cm, com máximo = 31,20 cm e mínimo = 21,02 cm) e de comprimento de racemos (RC) (méd. = 12,13 cm, máx. = 13,10 cm e min. = 10,98 cm), o grupo 4 destaca-se pelos maiores valores apresentados em largura de bainha (BL) (méd. = 1,13 cm, máx. = 1,25 cm e min. = 1,01 cm) e de largura de folhas (FL) (méd. = 1,10 cm, máx. = 1,14 cm e min. = 1,06 cm). Outro aspecto observado foi em relação ao grupo seis, formado pelo acesso 24 (São Borja), que apresentou os menores valores para os caracteres comprimento de bainha (BC) 2,75 cm,

14

1 comprimento de folhas (FC) 6,77 cm, comprimento de entrenós (CEN) 4,24 cm e de
2 angulação dos racemos (RA) 13,0 graus.

3 Outra observação importante é a contribuição que cada característica avaliada
4 apresentou para a divergência entre os acessos estudados. Neste caso se destacam FC,
5 FL, RC e EC, que somadas contribuíram para 60% da divergência entre os acessos
6 (Tabela 5).

7 Tabela 5. Contribuição relativa dos caracteres para divergência genética.
8 *Table 5. Relative contribution of characters for the genetic divergence*

Variável	Valor (%)
Comprimento de bainha (cm)	4,25
Largura de bainha (cm)	9,09
Comprimento de folha (cm)	12,05
Largura de folha (cm)	14,00
Angulação de folha (cm)	3,18
Número de nós	4,01
Comprimento de entrenós (cm)	5,40
Número de racemos	7,52
Comprimento de racemos (cm)	18,10
Comprimento de espiguetas (cm)	15,05
Angulação de racemos (cm)	7,35

9
10 O valor máximo de divergência encontrado na análise foi de 84,31 entre os
11 acessos 24 e 34. O acesso 24 (São Borja) caracteriza-se por ter hábito decumbente e
12 menores medidas de BC, FC, CEN e RA, como descrito anteriormente, e o acesso 34
13 (Arapeí 12) caracteriza-se, principalmente, por apresentar maiores medidas de FC (31,2
14 cm \pm 9,6), CEN (11,1 cm \pm 2,8) e RC (12,9 cm \pm 2,3), e hábito ereto. Em relação aos
15 acessos com menor divergência 18 (Lavras do Sul) e 22 (André da Rocha), apresentam
16 valor de 1,61, sendo que ambos se enquadram no mesmo grupo (1) mantendo, desta
17 forma, características similares.

18 4.6 CONCLUSÕES

19 A análise dos acessos de *P. notatum* revelou uma ampla variabilidade genética em
20 relação aos caracteres morfológicos, atestada pela distância genética.

1 Os acessos 24 (São Borja) e 34 (San Tomé) são os que apresentaram a maior
2 distância (84,31), ao passo que a menor distância (1,61) é verificada entre os acessos 18
3 (Lavras do Sul) e 22 (André da Rocha).

4 O comprimento e a largura da folha, o comprimento do racemo e o comprimento
5 da espiguetta são as principais características discriminatórias dos acessos.

6 **4.7 LITERATURA CITADA**

- 7 BURTON, G.W. A search for the origin Pensacola Bahia Grass. *Economic Botany*, v.
8 21, p. 379-382, New York, 1967.
9
10 CANTO-DOROW, T.S.; LONGHI-WAGNER, H.M.; VALLS, J.F.M. Revisão
11 taxonômica das espécies de *Paspalum* L.grupo Notata (Poaceae – Panieae) do Rio
12 Grande do Sul, Brasil. *Iheringia*, Porto Alegre, v.47, p.3-44, 1996.
13 CRUZ, C.D. Programa Genes – versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001.
14
15 PARODI, L.R. Gramíneas argentinas nuevas críticas. *Revista Argentina de Agronomía*,
16 v. 15, Buenos Aires, 1948, p. 53-61.
17
18 PIZARRO, E.A. Potencial forrajero del género *Paspalum*. *Pasturas Tropicales*, v. 22, n.
19 1, Colombia-CIAT, 2000.
20

Capítulo 5

CONCLUSÕES FINAIS.

CONCLUSÕES FINAIS

Com a realização destes trabalhos, algumas lacunas sobre o *P. notatum* foram esclarecidas, principalmente quanto à caracterização molecular, pois esta revelou uma grande variabilidade genética em indivíduos de comportamento reprodutivo por apomixia.

Foram encontrados baixos níveis de similaridade genética entre os acessos de *P. notatum*, revelando altos índices de variabilidade genética entre os indivíduos, para os *primers* testados neste trabalho.

Na avaliação desta grande variabilidade genética, foram grupos que mais se aproximam geneticamente. A formação destes grupos distanciados geneticamente favorece a seleção de genótipos a serem mais proximamente analisados.

Na análise dos caracteres morfológicos dos acessos de *P. notatum*, foi encontrada uma ampla variabilidade genética, atestada pela distância genética encontrada na análise dos resultados.

Através da estimativa da distância de Mahalanobis, os acessos 24 (São Borja) e 34 (Santo Tome) foram os que apresentaram a maior distância (84,31), ao passo que a menor distância (1,61) foi verificada entre os acessos 18 (Lavras do Sul) e 22 (André da Rocha).

Pelo método de Singh, com base na distância de Mahalanobis, o comprimento e a largura da folha, o comprimento do racemo e o comprimento da espiguetta foram as principais características discriminatórias dos acessos.

Trabalhos conjuntos de avaliação molecular e morfológica, abrem a possibilidade de estudos, com vistas à seleção dos indivíduos que mais se destacam, seja pela variabilidade genética ou pelas melhores características morfológicas, para a formação de novos cultivares mais aptos às necessidades de produção de forragem.

Com relação à produção de forragem, os resultados obtidos na avaliação mostram que os biótipos de *Paspalum guenoarum* têm maior produção de massa de forragem quando comparados aos de *Paspalum notatum*. Porém dentro dos *P. notatum* destacou-se o biótipo de Bagual, que obteve maior produção de massa de forragem quando comparada com a cultivar Pensacola.

A análise dos valores de proteína bruta, fibra em detergente neutro e fibra em detergente ácido das folhas, mesmo sendo realizada em período de final de ciclo das plantas (junho), mostrou teores de PB similares ou superiores a maioria dos estudos semelhantes anteriormente produzidos, o que demonstra a grande capacidade que estas duas espécies de *Paspalum* têm, mesmo fora do ciclo de produção, em sustentar uma produção pecuária.

Outro aspecto observado, foi com relação aos biótipos de *P. guenoarum*, que apresentam maior tolerância ao frio do que os biótipos de *P. notatum*, esta avaliação possibilita um melhor planejamento forrageiro em situações em que é possível se fazer o uso deste material, pois pode abrir uma alternativa de manejo em rebanhos, principalmente em épocas de déficit forrageiro.

Capítulo 6

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALISCIONI, S.S. Contribución a la filogenia del género *Paspalum* (POACEAE: PANICOIDEAE: PANICEAE). **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v. 89, n. 4, p. 504-523, St. Louis, 2002.

BARRETO, I.L. **O gênero *Paspalum* (Gramineae) no Rio Grande do Sul**. 1974. 258 f. Dissertação (Livre Docência-Fitotecnia). Faculdade de Agronomia-UFRGS, 1974.

BOLDRINI, I.I. **Dinâmica de vegetação de uma pastagem natural sob diferentes níveis de oferta de forragem e tipos de solos. Depressão Central, RS**. 1993. 262 f. Tese (Doutorado) Programa de pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS, Porto Alegre, RS, 1993.

CAVALLI, S.S. Polimorfismos Moleculares In: FREITAS, L.B.; BERED, F. **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: Editora da UFRGS, 2003. p. 311-332.

FEDERIZZI, L.C. Estrutura de um Programa de Melhoramento de Plantas e Possíveis Aplicações de Marcadores Moleculares: Visão do Melhorista. In: MILACH, S.C.K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: UFRGS, 1998. 220p.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN. p. 220, 1996.

MILACH, S.C.K. Principais tipos de marcadores moleculares e suas características. In: MILACH, S.C.K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: UFRGS, 1998. 220p.

MISLEVY, P.; DUNAVIN, L.S. Management and utilization of Bermudagrass and Bahiagrass in South Florida. 42 Florida Beef Cattle Short Course. **Proceedings...** Gainesville. 1993. IFAS, University of Florida. Gainesville, May, 1993, p. 84-95.

MOTT, G.O.; MOORE, J.E. Existing and potencial systems of finishing cattle on forages or limited grain rations in the tropical region of the south. In: STUEDEMANN, J.A. (Ed.). **FORAGE feed beef: production and marketing alternatives in the south**. Bull. 220 SCS. June, 1977, p.419-450.

NETO, J.F.B. Seleção assistida por marcadores moleculares. In: MILACH, S.C.K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: UFRGS, 1998. 220p.

NETO, J.F.B.; BERED, F. Marcadores moleculares e diversidade genética no melhoramento de plantas. In: MILACH, S.C.K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: UFRGS, 1998. 220p.

OLIVEIRA, A.C. Construção de Mapas Genéticos em Plantas. In: MILACH, S.C.K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: UFRGS, 1998. 220p.

OTERO, J.R. Informações sobre algumas plantas forrageiras. **Serviço de informação agrícola**. n. 11, Ministério da Agricultura, Rio de Janeiro, 1961. 334 p.

ORTIZ, J.P.A. et al. A Genetic Linkage Map of Diploid *Paspalum notatum*. **Crop Science**. Madison. v. 41, n. 3, May-june, 2001.

POZZOBON, M.T.; VALLS, J.F.M. Chromosome number in germplasm accessions of *Paspalum notatum* (Gramineae). **Brazilian Journal of Genetics**. v. 20. n.1. Ribeirão Preto, Mar. 1997.

PRATES, E.R. Efeito de nitrogênio e de intervalos entre cortes sobre a produção e composição de dois ecotipos de *Paspalum notatum* Flüggé e da cultivar Pensacola *Paspalum notatum* Flüggé var. *saurae* Parodi, **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas “Francisco Osório”**, Porto Alegre. v. 4, p. 267-307, julho 1977.

PRESTES, P.J.Q.; FREITAS, E.A.G.; BARRETO, I.L. Hábito vegetativo e variação estacional do valor nutritivo das principais gramíneas da pastagem do Rio Grande do Sul. **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas “Francisco Osório”**, Porto Alegre. v. 3, p. 516-531, julho 1976.

QUARÍN, C.L.; BURSON, B.L.; BURTON, G.W. Cytology of intra- and interspecific hybrids between two cytotypes of *Paspalum notatum* and *P. cromyorrhizon*. **Botanical Gazette**. Chicago, v. 145 n. 3. p. 420-426, 1984.

QUARÍN, C.L.; NORRMANN, G.A. Interspecific hybrids between five *Paspalum* species. **Botanical Gazette**. Chicago, v. 151. n. 3. p. 366-369, 1990.

SOARES, H.H.P.R.F. Efeito de doses de nitrogênio e intervalos entre cortes sobre a produção de matéria seca e proteína bruta de dois ecotipos de *Paspalum dilatatum* Poir, um ecotipo de *Paspalum notatum* Flüggé e a cultivar Pensacola (*Paspalum notatum* Flüggé var. *saurae* Parodi). **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas “Francisco Osório”**, Porto Alegre, v. 4, p. 201-232, julho 1977.

SOARES, H.H.P.R.F. et al.. Avaliação de ecotipos de *Paspalum notatum* Flüggé e *Paspalum nicorae* Parodi em comparação com Pensacola (*Paspalum saurae* Parodi). **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas “Francisco Osório”**, Porto Alegre, v. 13, p. 87-119, dez. 1986.

SOARES FILHO, C. V.; RODRIGUES, L. R. A. & PERRI, S. H. V. Produção e valor nutritivo de dez gramíneas forrageiras no Noroeste do Estado de São Paulo. **Acta Scientiarum**. Maringá, v. 24. n. 5. p. 1377-1384, 2002.

STRAPASSON, E.; VENCOVSKY, R.; BATISTA, L.A.R. Seleção de Descritores na Comparação de Germoplasma de *Paspalum sp.* por meio de Componentes Principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 2, p.373-381, 2000.

VALLS, J.F.M. Recursos genéticos de espécies de *Paspalum* no Brasil. In: ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO GENÉTICO DE PASPALUM, 1987, Nova Odessa. **Anais...** Nova Odessa: IZ, 1987, p.3-13.

VALLS, J.F.M. & POZZOBON, M. T. Variação apresentada pelos principais grupos taxonômicos de *Paspalum* com interesse forrageiro no Brasil In: ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO GENÉTICO DE PASPALUM, 1987, Nova Odessa. **Anais...** Nova Odessa: IZ, 1987, p.3-13.

ZANETTINI, M.H.B.; CAVALLI, S.S. Variabilidade Genética em Função do Modo de Reprodução In: FREITAS, L.B.; BERED, F. **Genética & Evolução Vegetal**. Porto Alegre, Editora da UFRGS. 2003, p. 177-188.

APÊNDICES

Apêndice 1. Saída das análises estatísticas do SAS system 1999, para as variáveis analisadas (cortes 1º ano).

```

                                The ANOVA Procedure
                                Class Level Information
Class                               Levels   Values
Especie                             5     Arocha Azulao Bagual Baio
Pensacola

                                Number of observations   20
1                                22:15 Wednesday, April 14, 1999
2

```

----- Corte=1 -----

```

                                The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha   folha

Source      DF          Squares      Mean Square      Sum of
Model       4      30546760.03      7636690.01      F Value      Pr > F
Error      15      2678487.66      178565.84      42.77      <.0001
Corrected Total 19      33225247.68

                                R-Square      Coeff Var      Root MSE      folha Mean
                                0.919384      14.83381      422.5705      2848.698

```

```

Source      DF          Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      30546760.03      7636690.01      42.77      <.0001

```

----- Corte=1 -----

```

                                The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo   colmo

Source      DF          Squares      Mean Square      Sum of
Model       4      24538567.92      6134641.98      F Value      Pr > F
Error      15      10911120.82      727408.05      8.43      0.0009
Corrected Total 19      35449688.75

                                R-Square      Coeff Var      Root MSE      colmo Mean
                                0.692208      55.53795      852.8822      1535.675

```

```

Source      DF          Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      24538567.92      6134641.98      8.43      0.0009

```

----- Corte=1 -----

```

                                The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor   inflor

Source      DF          Squares      Mean Square      Sum of
Model       4      8539085.48      2134771.37      F Value      Pr > F
Error      15      1600040.07      106669.34      20.01      <.0001
Corrected Total 19      10139125.55

                                R-Square      Coeff Var      Root MSE      inflor Mean
                                0.842192      40.74674      326.6027      801.5432

```

```

Source      DF          Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      8539085.479      2134771.370      20.01      <.0001

```

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto morto

Source	DF	Squares	Mean Square	Sum of F Value	Pr > F
Model	4	0	0	.	.
Error		15	0		0
Corrected Total		19	0		

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	0	0	.	.

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

folha

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	178565.8
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	922.68

Means with the same letter are not significantly

different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	4729.7	4	Baio
B	3613.3	4	Azulao
C	2523.5	4	Bagual
C	2286.8	4	Arocha
D	1090.2	4	Pensacola

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

colmo

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	727408.1
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	1862.3

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	2978.3	4	Baio
A			
A	2687.7	4	Azulao
A			
B A	1229.0	4	Bagual
B			
B	477.5	4	Pensacola
B			
B	305.8	4	Arocha

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

inflor

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	106669.3
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	713.13

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1794.8	4	Bagual
A			
B A	1162.6	4	Pensacola
B			
B C	858.8	4	Arocha
C			
D C	191.5	4	Azulao
D			
D	0.0	4	Baio

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

morto

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	0
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	0

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	0	4	Arocha
A			
A	0	4	Azulao
A			
A	0	4	Bagual
A			
A	0	4	Baio
A			
A	0	4	Pensacola

----- Corte=2 -----
The ANOVA Procedure

Class Level Information

Class	Levels	Values
Especie	5	Arocha Azulao Bagual Baio

Pensacola

Number of observations 20

----- Corte=2 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha folha

Source	DF	Squares	Mean Square	Sum of F Value	Pr > F
Model	4	5080724.323	1270181.081	7.68	0.0014
Error	15	2480883.581	165392.239		
Corrected Total	19	7561607.904			

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	folha Mean
	0.671911	17.95661	406.6844	2264.818

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	5080724.323	1270181.081	7.68	0.0014

----- Corte=2 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo colmo

Source	DF	Squares	Mean Square	Sum of F Value	Pr > F
Model	4	5009888.769	1252472.192	5.22	0.0078
Error	15	3601135.827	240075.722		
Corrected Total	19	8611024.596			

Mean	R-Square	Coeff Var	Root MSE	colmo
839.6257	0.581799	58.35639	489.9752	

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	5009888.769	1252472.192	5.22	0.0078

----- Corte=2 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor inflor

Source	DF	Squares	Mean Square	Sum of F Value	Pr > F
Model	4	7349712.82	1837428.21	3.83	0.0244
Error	15	7195117.03	479674.47		
Corrected Total	19	14544829.86			

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	inflor Mean
	0.505314	72.88952	692.5854	950.1851

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	7349712.825	1837428.206	3.83	0.0244

----- Corte=2 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto morto

Source	DF	Squares	Mean Square	Sum of F Value	Pr > F
Model	4	0	0	.	.
Error	15	0	0		
Corrected Total		19	0		

Mean	R-Square	Coeff Var	Root MSE	morto
0	0.000000	.	0	

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	0	0	.	.

----- Corte=2 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for folha

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha
0.05
Error Degrees of Freedom
15
Error Mean Square
165392.2
Critical Value of Studentized Range
4.36699
Minimum Significant Difference
887.99
Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	2752.1	4	Arocha
A			
A	2704.3	4	Azulao
A			
A	2445.0	4	Bagual
A			
B A	2023.1	4	Baio
B			
B	1399.6	4	Pensacola

----- Corte=2 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for colmo

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	240075.7
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	1069.9

Means with the same letter are not significantly

different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1523.7	4	Baio
A			
B A	1364.7	4	Azulao
B A			
B A	507.2	4	Pensacola
B A			
B A	485.2	4	Bagual
B			
B	317.4	4	Arocha

----- Corte=2 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for inflor

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	479674.5
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	1512.3

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1844.0	4	Azulao
A			
B A	1262.4	4	Bagual
B A			
B A	1053.0	4	Pensacola
B A			
B A	487.8	4	Baio
B			
B	103.7	4	Arocha

----- Corte=2 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for
 morto

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher Type II error rate than REGWQ.

Alpha 0.05
 Error Degrees of Freedom 15
 Error Mean Square 0
 Critical Value of Studentized Range 4.36699
 Minimum Significant Difference 0

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	0	4	Arocha
A			
A	0	4	Azulao
A			
A	0	4	Bagual
A			
A	0	4	Baio
A			
A	0	4	Pensacola

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha folha

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	8485135.49	2121283.87	10.14	0.0004
Error	15	3138089.55	209205.97		
Corrected Total		19	11623225.04		

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	folha Mean
	0.730016	21.12911	457.3904	2164.740

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	8485135.493	2121283.873	10.14	0.0004

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo colmo

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	1531414.832	382853.708	7.32	0.0018
Error	15	784809.186	52320.612		
Corrected Total	19	2316224.018			

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	colmo Mean
	0.661169	56.68032	228.7370	403.5563

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	1531414.832	382853.708	7.32	0.0018

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor inflor

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	2479292.578	619823.144	15.22	<.0001
Error	15	610893.225	40726.215		
Corrected Total	19	3090185.803			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	inflor Mean
		0.802312	42.11376	201.8074	479.1958
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	2479292.578	619823.144	15.22	<.0001

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto morto

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	854350.888	213587.722	19.22	<.0001
Error	15	166670.989	11111.399		
Corrected Total	19	1021021.876			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	morto Mean
		0.836761	43.45111	105.4106	242.5959
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	854350.8876	213587.7219	19.22	<.0001

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for
folha

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but
it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	209206
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	998.71

Means with the same letter are not significantly
different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	3142.0	4	Azulao
A			
B A	2630.0	4	Baio
B			
B C	2089.1	4	Bagual
C			
C	1551.1	4	Arocha
C			
C	1411.4	4	Pensacola

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for
colmo

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but
it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	52320.61
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	499.45

Means with the same letter are not significantly
different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	816.9	4	Baio
A			
B A	611.7	4	Bagual
B			
B C	308.5	4	Azulao
B			
B C	243.1	4	Pensacola
C			
C	37.6	4	Arocha

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for inflor
NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but
it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	40726.21
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	440.64

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	951.4	4	Bagual
A			
A	687.1	4	Baio
A			
A	616.7	4	Pensacola
B			
B	85.3	4	Azulao
B			
B	55.4	4	Arocha

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

morto

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	11111.4
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	230.16

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	577.95	4	Baio
A			
B A	366.27	4	Azulao
B			
B C	176.57	4	Arocha
C			
C	92.19	4	Pensacola
C			
C	0.00	4	Bagual

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha folha

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	4061660.231	1015415.058	6.92	0.0023
Error	15	2202383.622	146825.575		
Corrected Total		19	6264043.853		

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	folha Mean
	0.648409	42.24136	383.1783	907.1162

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	4061660.231	1015415.058	6.92	0.0023

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo colmo

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	144849.6229	36212.4057	1.74	0.1947
Error	15	313059.3070	20870.6205		
Corrected Total		19	457908.9299		

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	colmo Mean
	0.316328	191.1319	144.4667	75.58482

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	144849.6229	36212.4057	1.74	0.1947

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor inflor

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	180.0000000	45.0000000	1.00	0.4380
Error	15	675.0000000	45.0000000		
Corrected Total	19	855.0000000			

Sum of

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	inflor Mean
	0.210526	447.2136	6.708204	1.500000

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	180.0000000	45.0000000	1.00	0.4380

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto morto

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	425160.9192	106290.2298	3.84	0.0242
Error	15	415160.5138	27677.3676		
Corrected Total	19	840321.4331			

Sum of

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	morto Mean
	0.505950	54.71278	166.3652	304.0700

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	425160.9192	106290.2298	3.84	0.0242

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

folha

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	146825.6
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	836.67

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1655.8	4	Azulao
A			
B A	1127.0	4	Baio
B			
B	754.5	4	Bagual
B			
B	657.7	4	Pensacola
B			
B	340.5	4	Arocha

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

colmo

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	20870.62
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	315.44

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	186.1	4	Baio
A			
A	172.6	4	Azulao
A			
A	19.3	4	Bagual
A			
A	0.0	4	Arocha
A			
A	0.0	4	Pensacola

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

inflor

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	45
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	14.647

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	7.500	4	Pensacola
A			
A	0.000	4	Azulao
A			
A	0.000	4	Bagual
A			
A	0.000	4	Baio
A			
A	0.000	4	Arocha

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

morto

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	27677.37
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	363.26

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	475.2	4	Baio
A			
B A	424.2	4	Azulao
B A			
B A	352.2	4	Arocha
B A			
B A	171.4	4	Bagual
B			
B	97.5	4	Pensacola

Apêndice 2. Saída das análises estatísticas do SAS system 1999, para as variáveis analisadas (cortes 2º ano).

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha folha

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	1298906.305	324726.576	3.46	0.0342
Error	15	1407857.464	93857.164		
Corrected Total	19	2706763.769			

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	folha Mean
Especie	4	1298906.305	324726.576	3.46	0.0342	935.8173

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo colmo

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	147655.4682	36913.8671	5.89	0.0047
Error	15	93974.0901	6264.9393		
Corrected Total	19	241629.5583			

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	colmo Mean
Especie	4	147655.4682	36913.8671	5.89	0.0047	93.63053

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor inflor

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	320.000000	80.000000	1.00	0.4380
Error	15	1200.000000	80.000000		
Corrected Total	19	1520.000000			

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	inflor Mean
Especie	4	320.000000	80.000000	1.00	0.4380	2.000000

----- Corte=1 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto morto

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	464110.7321	116027.6830	4.28	0.0165
Error	15	406634.8301	27108.9887		
Corrected Total	19	870745.5622			

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	morto Mean
Especie	4	464110.7321	116027.6830	4.28	0.0165	170.8087

----- Corte=1 -----
The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for folha

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	93857.16
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	668.94

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1370.0	4	Azulao
A			
B A	1068.8	4	Bagual
B A			
B A	820.3	4	AAPensacola
B A			
B A	750.0	4	Baio
B			
B	670.0	4	Arocha

----- Corte=1 -----
The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for colmo

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	6264.939
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	172.83

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	220.00	4	Azulao
A			
B A	170.00	4	Baio
B A			
B A	53.10	4	AAPensacola
B			
B	25.05	4	Bagual
B			
B	0.00	4	Arocha

----- Corte=1 -----
 The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for inflor

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	80
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	19.53

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	10.000	4	Baio
A			
A	0.000	4	Arocha
A			
A	0.000	4	Azulao
A			
A	0.000	4	Bagual
A			
A	0.000	4	AAPensacola

----- Corte=1 -----
 The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for morto

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	27108.99
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	359.51

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	470.0	4	Azulao
A			
B A	140.0	4	Baio
B A			
B A	113.1	4	AAPensacola
B			
B	70.0	4	Arocha
B			
B	60.9	4	Bagual

```

----- Corte=2 -----
                          The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha   folha

                Sum of
Source      DF      Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      2581405.369      645351.342        3.93      0.0224
Error       15      2463112.197      164207.480
Corrected Total  19      5044517.566

                R-Square      Coeff Var      Root MSE      folha Mean
                0.511725      17.97722      405.2252      2254.104
Source      DF      Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      2581405.369      645351.342        3.93      0.0224
----- Corte=2 -----
                          The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo   colmo

                Sum of
Source      DF      Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      626600.8202      156650.2050        7.13      0.0020
Error       15      329371.1278      21958.0752
Corrected Total  19      955971.9480

                R-Square      Coeff Var      Root MSE      colmo Mean
                0.655459      58.51525      148.1826      253.2375
Source      DF      Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      626600.8202      156650.2050        7.13      0.0020
----- Corte=2 -----
                          The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor  inflor

                Sum of
Source      DF      Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      166690.2501      41672.5625        16.26      <.0001
Error       15      38436.1152      2562.4077
Corrected Total  19      205126.3653

                R-Square      Coeff Var      Root MSE      inflor Mean
                0.812622      91.99642      50.62023      55.02413
Source      DF      Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      166690.2501      41672.5625        16.26      <.0001
----- Corte=2 -----
                          The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto   morto

                Sum of
Source      DF      Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      49049.1459      12262.2865         0.78      0.5573
Error       15      236780.8720      15785.3915
Corrected Total  19      285830.0179

                R-Square      Coeff Var      Root MSE      morto Mean
                0.171603      325.0636      125.6399      38.65088
Source      DF      Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      49049.14592      12262.28648         0.78      0.5573
----- Corte=2 -----
                          The ANOVA Procedure

```

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for folha

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	164207.5
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	884.81

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	2917.8	4	Azulao
A			
B A	2289.4	4	Bagual
B A			
B A	2138.8	4	Baio
B A			
B A	2062.3	4	AAPensacola
B			
B	1862.3	4	Arocha

----- Corte=2 -----
The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for colmo

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	21958.08
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	323.56

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	595.5	4	Azulao
B	220.5	4	AAPensacola
B			
B	214.7	4	Baio
B			
B	127.4	4	Bagual
B			
B	108.0	4	Arocha

----- Corte=2 -----
The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for inflor

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	2562.408
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	110.53

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	234.94	4	AAPensacola
B	40.18	4	Arocha
B	0.00	4	Azulao
B	0.00	4	Bagual
B	0.00	4	Baio

----- Corte=2 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for morto

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	15785.39
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	274.33

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	134.04	4	Azulao
A	31.98	4	AAPensacola
A	27.23	4	Baio
A	0.00	4	Arocha
A	0.00	4	Bagual

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha folha

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	1720335.373	430083.843	4.51	0.0136
Error	15	1430233.643	95348.910		
Corrected Total	19	3150569.016			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	folha Mean
		0.546040	21.37273	308.7862	1444.767
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	1720335.373	430083.843	4.51	0.0136

----- Corte=3 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo colmo

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	59616.8051	14904.2013	2.43	0.0929
Error	15	91910.7808	6127.3854		
Corrected Total	19	151527.5859			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	colmo Mean
		0.393439	56.18470	78.27762	139.3219
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	59616.80515	14904.20129	2.43	0.0929

----- Corte=3 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor inflor

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	124842.9900	31210.7475	4.74	0.0113
Error	15	98852.4676	6590.1645		
Corrected Total	19	223695.4576			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	inflor Mean
		0.558094	205.4996	81.17983	39.50364
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	124842.9900	31210.7475	4.74	0.0113

----- Corte=3 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto morto

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	28742.29275	7185.57319	1.64	0.2154
Error	15	65616.93116	4374.46208		
Corrected Total	19	94359.22391			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	morto Mean
		0.304605	348.9367	66.13972	18.95465
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	28742.29275	7185.57319	1.64	0.2154

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for folha

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	95348.91
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	674.23

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1992.3	4	Azulao
A			
B A	1508.6	4	Bagual
B			
B	1273.4	4	Baio
B			
B	1226.2	4	Arocha
B			
B	1223.3	4	AAPensacola

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for colmo

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	6127.385
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	170.92

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	218.66	4	Azulao
A			
A	183.49	4	AAPensacola
A			
A	130.41	4	Baio
A			
A	84.46	4	Bagual
A			
A	79.59	4	Arocha

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for inflor

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	6590.165
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	177.26

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	197.52	4	AAPensacola
B	0.00	4	Arocha
B	0.00	4	Azulao
B	0.00	4	Bagual
B	0.00	4	Baio

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for

morto

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	4374.462
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	144.42

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	94.77	4	AAPensacola
A	0.00	4	Arocha
A	0.00	4	Azulao
A	0.00	4	Bagual
A	0.00	4	Baio

----- Corte=4 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: folha folha

Sum of						
Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F	
Model	4	2966655.477	741663.869	12.66	0.0001	
Error	15	878753.371	58583.558			
Corrected Total	19	3845408.848				
R-Square						
		0.771480	Coeff Var	17.00232	Root MSE	folha Mean
				242.0404		1423.573
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	
Especie	4	2966655.477	741663.869	12.66	0.0001	

----- Corte=4 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: colmo colmo

Sum of						
Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F	
Model	4	3750471.075	937617.769	5.56	0.0060	
Error	15	2529722.830	168648.189			
Corrected Total	19	6280193.905				
R-Square						
		0.597190	Coeff Var	116.9941	Root MSE	colmo Mean
				410.6680		351.0159
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	
Especie	4	3750471.075	937617.769	5.56	0.0060	

----- Corte=4 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: inflor inflor

Sum of						
Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F	
Model	4	2775496.247	693874.062	11.73	0.0002	
Error	15	887404.284	59160.286			
Corrected Total	19	3662900.531				
R-Square						
		0.757732	Coeff Var	75.33367	Root MSE	inflor Mean
				243.2289		322.8687
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	
Especie	4	2775496.247	693874.062	11.73	0.0002	

----- Corte=4 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: morto morto

Sum of						
Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F	
Model	4	90635.5413	22658.8853	1.44	0.2700	
Error	15	236453.0079	15763.5339			
Corrected Total	19	327088.5492				
R-Square						
		0.277098	Coeff Var	128.3744	Root MSE	morto Mean
				125.5529		97.80215
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F	
Especie	4	90635.54130	22658.88533	1.44	0.2700	

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for folha

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	58583.56
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	528.49

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1998.8	4	Azulao
A			
B A	1619.4	4	Baio
B			
B C	1340.0	4	Arocha
B C			
B C	1333.9	4	Bagual
C			
C	825.8	4	AAPensacola

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for colmo

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	168648.2
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	896.69

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1185.9	4	Azulao
A			
B A	354.3	4	Baio
B			
B	134.4	4	Arocha
B			
B	56.5	4	Bagual
B			
B	24.0	4	AAPensacola

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for inflor

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	59160.29
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	531.09

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1013.1	4	Bagual
B	363.6	4	AAPensacola
B	237.6	4	Arocha
B	0.0	4	Azulao
B	0.0	4	Baio

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for morto

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	15763.53
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	274.14

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	221.02	4	Arocha
A	112.06	4	AAPensacola
A	77.37	4	Azulao
A	40.89	4	Bagual
A	37.67	4	Baio

Apêndice 3. Saída das análises estatísticas do SAS system 1999, para as variáveis analisadas (produção total MS 1º ano).

The ANOVA Procedure

Class Level Information

Class	Levels	Values
Especie	5	AAPensacola Arocha Azulao Bagual Baio

Number of observations 20

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: TotalGeral		TotalGeral			
Source	DF	Squares	Mean Square	Sum of F Value	Pr > F
Model	4	313511382.2	78377845.6	37.52	<.0001
Error	15	31336471.2	2089098.1		
Corrected Total	19	344847853.4			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	TotalGeral Mean
		0.909130	10.65783	1445.371	13561.59
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	313511382.2	78377845.6	37.52	<.0001

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for TotalGeral

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	2089098
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	3156

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	18243	4	Baio
A			
B	17273	4	Azulao
B			
B	14337	4	Bagual
C	9138	4	Arocha
C			
C	8816	4	AAPensacola

Apêndice 4. Saída das análises estatísticas do SAS system 1999, para as variáveis analisadas (produção total MS 2º ano).

```

The ANOVA Procedure
Class Level Information
Class      Levels      Values
Especie    5      AAPensacola Arocha Azulao Bagual Baio
Number of observations      20

```

```

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: TotalGeral      TotalGeral
Source      DF      Squares      Mean Square      Sum of
Model       4      68135656.46      17033914.11      F Value      Pr > F
Error       15      16959141.01      1130609.40
Corrected Total 19      85094797.47
R-Square    0.800703      Coeff Var      13.85925      Root MSE      TotalGeral Mean
0.800703      13.85925      1063.301      7672.141
Source      DF      Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      68135656.46      17033914.11      15.07      <.0001

```

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for TotalGeral

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

```

Alpha      0.05
Error Degrees of Freedom      15
Error Mean Square      1130609
Critical Value of Studentized Range      4.36699
Minimum Significant Difference      2321.7

```

Means with the same letter are not significantly different.

```

Tukey Grouping      Mean      N      Especie
A      11180.5      4      Azulao
B      7764.3      4      Bagual
B      6866.0      4      Baio
B      6560.6      4      AAPensacola
B      5989.4      4      Arocha

```

Apêndice 5. Saída das análises estatísticas do SAS system 1999, para as variáveis analisadas (produção de MS na seqüência dos cortes 1º ano).

```

                                The ANOVA Procedure
                                Class Level Information
Class          Levels      Values
Especie              5      AAPensacola Arocha Azulao Bagual Baio
                                Number of observations      20
----- Corte=1 -----
                                The ANOVA Procedure
Dependent Variable: Totais      Totais
                                Sum of
Source      DF          Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      68948888.91      17237222.23      10.85      0.0002
Error       15      23839721.04      1589314.74
Corrected Total  19      92788609.95
                                R-Square      Coeff Var      Root MSE      Totais Mean
                                0.743075      24.30969      1260.680      5185.916
Source      DF          Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      68948888.91      17237222.23      10.85      0.0002
----- Corte=1 -----
                                The ANOVA Procedure
                                Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais
NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but
it generally has a higher
                                Type II error rate than REGWQ.
                                Alpha      0.05
                                Error Degrees of Freedom      15
                                Error Mean Square      1589315
                                Critical Value of Studentized Range      4.36699
                                Minimum Significant Difference      2752.7
Means with the same letter are not significantly
different.
                                Tukey Grouping      Mean      N      Especie
                                A      7708.0      4      Baio
                                A
                                A      6492.6      4      Azulao
                                A
                                B      5547.2      4      Bagual
                                B
                                B      3451.4      4      Arocha
                                C
                                C      2730.3      4      AAPensacola
----- Corte=2 -----
                                The ANOVA Procedure
Dependent Variable: Totais      Totais
                                Sum of
Source      DF          Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      10630743.29      2657685.82      3.67      0.0283
Error       15      10874096.08      724939.74
Corrected Total  19      21504839.36
                                R-Square      Coeff Var      Root MSE      Totais Mean
                                0.494342      22.02216      851.4339      3866.259
Source      DF          Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      10630743.29      2657685.82      3.67      0.0283
                                The ANOVA Procedure

```

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha 0.05
 Error Degrees of Freedom 15
 Error Mean Square 724939.7
 Critical Value of Studentized Range 4.36699
 Minimum Significant Difference 1859.1

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	4971.2	4	Azulao
A			
B A	4192.6	4	Bagual
B A			
B A	4034.5	4	Baio
B A			
B A	3173.2	4	Arocha
B			
B	2959.8	4	AAPensacola

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: Totais Totais

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	22180684.04	5545171.01	9.92	0.0004
Error	15	8381670.93	558778.06		
Corrected Total	19	30562354.97			

R-Square 0.725752
 Coeff Var 22.72020
 Root MSE 747.5146
 Totais Mean 3290.088

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	22180684.04	5545171.01	9.92	0.0004

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha 0.05
 Error Degrees of Freedom 15
 Error Mean Square 558778.1
 Critical Value of Studentized Range 4.36699
 Minimum Significant Difference 1632.2

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	4711.9	4	Baio
A			
B A	3902.1	4	Azulao
B A			
B A	3652.2	4	Bagual
B			
B C	2363.4	4	AAPensacola
C			
C	1820.8	4	Arocha

----- Corte=4 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: Totais Totais

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	5433140.707	1358285.177	5.32	0.0072
Error	15	3830820.016	255388.001		
Corrected Total	19	9263960.724			

R-Square	Coeff Var	Root MSE	Totais Mean
0.586481	41.44562	505.3593	1219.331

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	5433140.707	1358285.177	5.32	0.0072

----- Corte=4 -----
The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	255388
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	1103.4

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	1907.6	4	Azulao
A			
B A	1788.3	4	Baio
B A			
B A	945.2	4	Bagual
B			
B	763.0	4	AAPensacola
B			
B	692.6	4	Arocha

Apêndice 6. Saída das análises estatísticas do SAS system 1999, para as variáveis analisadas (produção de MS na seqüência dos cortes 2º ano).

```

                                The ANOVA Procedure
                                Class Level Information
Class          Levels      Values
Especie              5      AAPensacola Arocha Azulao Bagual Baio
-----
                                Corte=1 -----
                                The ANOVA Procedure
Dependent Variable: Totais      Totais

                                Sum of
Source      DF      Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      4062805.645      1015701.411      5.27      0.0074
Error       15      2889998.153      192666.544
Corrected Total 19      6952803.798
                                R-Square      Coeff Var      Root MSE      Totais Mean
                                0.584341      36.50951      438.9380      1202.257
Source      DF      Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      4062805.645      1015701.411      5.27      0.0074
-----
                                Corte=1 -----

                                Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais
NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but
it generally has a higher
                                Type II error rate than REGWQ.
                                Alpha      0.05
                                Error Degrees of Freedom      15
                                Error Mean Square      192666.5
                                Critical Value of Studentized Range      4.36699
                                Minimum Significant Difference      958.42

Means with the same letter are not significantly different.

                                Tukey Grouping      Mean      N      Especie
                                A      2060.0      4      Azulao
                                A
                                B      1154.8      4      Bagual
                                B
                                B      1070.0      4      Baio
                                B
                                B      986.5      4      AAPensacola
                                B
                                B      740.0      4      Arocha
-----
                                Corte=2 -----
                                The ANOVA Procedure
Dependent Variable: Totais      Totais

                                Sum of
Source      DF      Squares      Mean Square      F Value      Pr > F
Model        4      6114971.946      1528742.986      6.76      0.0026
Error       15      3390264.437      226017.629
Corrected Total 19      9505236.383
                                R-Square      Coeff Var      Root MSE      Totais Mean
                                0.643327      18.27797      475.4131      2601.017
Source      DF      Anova SS      Mean Square      F Value      Pr > F
Especie     4      6114971.946      1528742.986      6.76      0.0026
-----
                                Corte=2 -----

```

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	226017.6
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	1038.1

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	3647.4	4	Azulao
B	2549.7	4	AAPensacola
B	2416.8	4	Bagual
B	2380.7	4	Baio
B	2010.5	4	Arocha

----- Corte=3 -----
The ANOVA Procedure

Dependent Variable: Totais Totais

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	2012385.810	503096.452	3.43	0.0351
Error	15	2200561.603	146704.107		
Corrected Total	19	4212947.413			
		R-Square	Coeff Var	Root MSE	Totais Mean
		0.477667	22.88586	383.0197	1673.609
Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	2012385.810	503096.452	3.43	0.0351

----- Corte=3 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	146704.1
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	836.32

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	2211.0	4	Azulao
A			
B A	1748.4	4	Bagual
B A			
B A	1699.1	4	AApensacola
B A			
B A	1403.8	4	Baio
B			
B	1305.8	4	Arocha

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Dependent Variable: Totais Totais

Source	DF	Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	8237729.85	2059432.46	4.63	0.0123
Error	15	6666616.50	444441.10		
Corrected Total	19	14904346.36			

	R-Square	Coeff Var	Root MSE	Totais Mean
	0.552707	30.36836	666.6642	2195.259

Source	DF	Anova SS	Mean Square	F Value	Pr > F
Especie	4	8237729.854	2059432.464	4.63	0.0123

----- Corte=4 -----

The ANOVA Procedure

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Totais

NOTE: This test controls the Type I experimentwise error rate, but it generally has a higher

Type II error rate than REGWQ.

Alpha	0.05
Error Degrees of Freedom	15
Error Mean Square	444441.1
Critical Value of Studentized Range	4.36699
Minimum Significant Difference	1455.7

Means with the same letter are not significantly different.

Tukey Grouping	Mean	N	Especie
A	3262.1	4	Azulao
A			
B A	2444.4	4	Bagual
B A			
B A	2011.4	4	Baio
B A			
B A	1933.1	4	Arocha
B			
B	1325.3	4	AApensacola

Apêndice 7. Medidas de Similaridade

```

=====
Programa GENES                MEDIDAS DE DISSIMILARIDADE
Número de variáveis :        11
Número de genótipos :        41
Padronização dos dados :     Sim
=====

```

DISTÂNCIA DE MAHALANOBIS

MATRIZ DE TRANSFORMAÇÃO DOS DADOS

```

-----
1.0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0
-.40372 1.0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0
-.466249 3.343777 1.0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0
.003271 -.005487 -.008138 1.0  .0  .0  .0  .0  .0  .0  .0
-.451986 3.527438 .628598 .619774 1.0  .0  .0  .0  .0  .0  .0
-.001837 -.058129 -.002232 .306562 .00159 1.0  .0  .0  .0  .0  .0
.077406 .519433 .004725 .670459 .007004 1.992992 1.0  .0  .0  .0  .0
.007799 .211582 .002735 .083977 .001003 .036468 -.000191 1.0  .0  .0  .0
-.016942 -.183044 .01823 .703746 .007857 -.724098 -.149199 1.70498 1.0  .0  .0
-.000863 -.000896 .000259 -.01124 -.000017 .010454 .001236 -.009668 -.003572 1.0  .0
-.141757 .739199 -.035885 .01949 .052905 .46166 -.405918 .512403 -1.467495 -50.633055
1.0

```

VARIÂNCIA DAS VARIÁVEIS TRANSFORMADAS

```

-----
Z 1          1.769786
Z 2          .016923
Z 3         22.161475
Z 4          .011795
Z 5        158.633947
Z 6          .282121
Z 7         3.491334
Z 8          .048686
Z 9         1.880804
Z 10         .000903
Z 11        138.243308

```

GENÓTIPOS E DISTÂNCIA

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 1

```

-----
( 5 )43.913747 ( 2 )38.686718 ( 3 )12.68036 ( 4 )64.34074
( 9 )40.853258 ( 6 )39.758904 ( 7 )35.727241 ( 8 )69.569434
( 13 )34.770154 ( 10 )44.305933 ( 11 )49.146248 ( 12 )44.468228
( 17 )43.102497 ( 14 )50.470142 ( 15 )45.252769 ( 16 )35.645759
( 21 )48.61394 ( 18 )45.897424 ( 19 )47.387309 ( 20 )40.135504
( 25 )45.388582 ( 22 )49.915429 ( 23 )45.386768 ( 24 )64.327466
( 29 )38.22122 ( 26 )39.336928 ( 27 )49.088314 ( 28 )33.379304
( 33 )37.728841 ( 30 )43.680709 ( 31 )38.621568 ( 32 )28.612878
( 37 )79.715529 ( 34 )52.257316 ( 35 )34.147622 ( 36 )31.322465
( 41 )36.181857 ( 38 )50.644001 ( 39 )48.053953 ( 40 )29.915158

```

MAIOR DISTÂNCIA : 79.715529

GENÓTIPO : 37

MENOR DISTÂNCIA : 12.68036

GENÓTIPO : 3

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 2

```

-----
( 1 )38.686718 ( 3 )26.428805 ( 4 )48.134907
( 5 )22.002725 ( 6 )16.882761 ( 7 )11.393287 ( 8 )57.875757
( 9 )10.227328 ( 10 )9.35948 ( 11 )22.791284 ( 12 )2.342926
( 13 )4.249952 ( 14 )29.766443 ( 15 )9.552695 ( 16 )7.636933
( 17 )7.846555 ( 18 )8.980945 ( 19 )5.366461 ( 20 )6.145106
( 21 )16.971162 ( 22 )8.095568 ( 23 )11.161357 ( 24 )17.652524
( 25 )13.18694 ( 26 )20.819779 ( 27 )34.987992 ( 28 )26.692653
( 29 )14.364256 ( 30 )14.916821 ( 31 )29.767289 ( 32 )12.556883
( 33 )16.1903 ( 34 )43.624325 ( 35 )20.988725 ( 36 )15.472833
( 37 )59.534193 ( 38 )28.940887 ( 39 )21.483325 ( 40 )12.309846
( 41 )15.097395

```


DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 7

(1) 35.727241	(2) 11.393287	(3) 22.798228	(4) 31.092188
(5) 6.213391	(6) 2.982383		(8) 26.558459
(9) 6.784674	(10) 3.715959	(11) 10.070774	(12) 18.447468
(13) 4.648132	(14) 13.571654	(15) 7.078893	(16) 12.595908
(17) 6.495986	(18) 9.722597	(19) 10.498749	(20) 16.511363
(21) 7.368816	(22) 9.990607	(23) 4.347299	(24) 17.945175
(25) 3.597931	(26) 9.881566	(27) 22.85943	(28) 13.90241
(29) 5.528011	(30) 4.826992	(31) 14.85907	(32) 10.710718
(33) 12.246447	(34) 27.104589	(35) 5.432177	(36) 2.96758
(37) 24.056602	(38) 14.422368	(39) 13.901563	(40) 12.010437
(41) 6.706231			

MAIOR DISTÂNCIA : 35.727241

GENÓTIPO : 1

MENOR DISTÂNCIA : 2.96758

GENÓTIPO : 36

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 8

(1) 69.569434	(2) 57.875757	(3) 46.391698	(4) 35.978483
(5) 32.451615	(6) 29.753736	(7) 26.558459	
(9) 29.451379	(10) 38.528896	(11) 23.318619	(12) 73.640615
(13) 46.268679	(14) 53.635103	(15) 48.56179	(16) 40.283949
(17) 45.370207	(18) 48.356829	(19) 50.394688	(20) 62.14339
(21) 36.407202	(22) 51.193475	(23) 38.31942	(24) 49.573209
(25) 33.528723	(26) 42.668891	(27) 34.930773	(28) 26.258634
(29) 39.438221	(30) 37.106479	(31) 41.791465	(32) 46.091311
(33) 26.863509	(34) 56.582053	(35) 30.794025	(36) 24.404471
(37) 20.535105	(38) 34.147245	(39) 22.446876	(40) 33.2286
(41) 23.563945			

MAIOR DISTÂNCIA : 73.640615

GENÓTIPO : 12

MENOR DISTÂNCIA : 20.535105

GENÓTIPO : 37

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 9

(1) 40.853258	(2) 10.227328	(3) 19.849293	(4) 41.338894
(5) 11.189914	(6) 8.110106	(7) 6.784674	(8) 29.451379
	(10) 5.405861	(11) 9.888486	(12) 20.146333
(13) 4.895901	(14) 21.322363	(15) 5.67427	(16) 4.355963
(17) 4.882222	(18) 5.046036	(19) 4.91919	(20) 8.506044
(21) 12.10854	(22) 6.1991	(23) 7.408107	(24) 12.073035
(25) 8.376529	(26) 24.026397	(27) 29.718791	(28) 20.889781
(29) 16.621451	(30) 12.442413	(31) 31.577853	(32) 13.314921
(33) 13.491568	(34) 45.674594	(35) 17.474542	(36) 7.019225
(37) 38.256571	(38) 22.857305	(39) 11.595546	(40) 9.436349
(41) 5.605698			

MAIOR DISTÂNCIA : 45.674594

GENÓTIPO : 34

MENOR DISTÂNCIA : 4.355963

GENÓTIPO : 16

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 10

(1) 44.305933	(2) 9.35948	(3) 27.071376	(4) 34.697219
(5) 9.399046	(6) 4.427533	(7) 3.715959	(8) 38.528896
(9) 5.405861		(11) 11.294814	(12) 15.501496
(13) 3.675481	(14) 16.898265	(15) 2.734924	(16) 9.843914
(17) 3.834326	(18) 5.098251	(19) 5.673469	(20) 12.867498
(21) 5.794753	(22) 4.606508	(23) 2.445617	(24) 14.202247
(25) 2.233284	(26) 13.303391	(27) 28.612326	(28) 19.306789
(29) 8.676824	(30) 4.03925	(31) 22.181461	(32) 12.757952
(33) 14.831237	(34) 34.873026	(35) 10.445648	(36) 7.06989
(37) 35.121069	(38) 16.589632	(39) 16.065641	(40) 11.724416
(41) 7.154871			

MAIOR DISTÂNCIA : 44.305933

GENÓTIPO : 1

MENOR DISTÂNCIA : 2.233284

GENÓTIPO : 25

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 11

(1) 49.146248	(2) 22.791284	(3) 27.124266	(4) 24.651275
(5) 20.727626	(6) 13.12223	(7) 10.070774	(8) 23.318619
(9) 9.888486	(10) 11.294814		(12) 32.343957
(13) 15.491607	(14) 36.556283	(15) 18.727308	(16) 12.328027
(17) 19.070379	(18) 12.052016	(19) 17.889449	(20) 30.379192
(21) 11.919104	(22) 18.043727	(23) 10.842938	(24) 27.701005
(25) 10.841366	(26) 16.653225	(27) 13.460024	(28) 11.172069
(29) 12.904373	(30) 12.120147	(31) 21.197903	(32) 21.673561
(33) 14.260271	(34) 30.32826	(35) 14.018612	(36) 14.287192
(37) 29.044451	(38) 14.011979	(39) 13.638959	(40) 16.795289
(41) 7.168752			

MAIOR DISTÂNCIA : 49.146248
 MENOR DISTÂNCIA : 7.168752

GENÓTIPO : 1
 GENÓTIPO : 41

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 12

(1) 44.468228	(2) 2.342926	(3) 33.406132	(4) 50.154916
(5) 29.34603	(6) 25.811612	(7) 18.447468	(8) 73.640615
(9) 20.146333	(10) 15.501496	(11) 32.343957	
(13) 9.664852	(14) 38.43808	(15) 17.196938	(16) 14.153589
(17) 15.711971	(18) 17.752153	(19) 10.910476	(20) 12.722283
(21) 20.557315	(22) 16.141038	(23) 17.500383	(24) 27.941145
(25) 19.596812	(26) 21.839334	(27) 41.305766	(28) 32.449827
(29) 17.753288	(30) 19.070504	(31) 30.385142	(32) 14.522335
(33) 19.94517	(34) 42.514992	(35) 24.85553	(36) 22.577155
(37) 71.116588	(38) 32.089327	(39) 27.587856	(40) 18.079392
(41) 22.442391			

MAIOR DISTÂNCIA : 73.640615
 MENOR DISTÂNCIA : 2.342926

GENÓTIPO : 8
 GENÓTIPO : 2

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 13

(1) 34.770154	(2) 4.249952	(3) 21.621225	(4) 45.411825
(5) 9.118552	(6) 6.786346	(7) 4.648132	(8) 46.268679
(9) 4.895901	(10) 3.675481	(11) 15.491607	(12) 9.664852
	(14) 14.440345	(15) 2.747518	(16) 7.871712
(17) 2.547934	(18) 4.273484	(19) 3.690726	(20) 5.167651
(21) 10.867443	(22) 4.404993	(23) 5.353639	(24) 13.951424
(25) 6.830712	(26) 17.308087	(27) 32.953039	(28) 23.091115
(29) 10.360376	(30) 9.503029	(31) 24.21186	(32) 8.042554
(33) 16.420982	(34) 37.2638	(35) 13.311398	(36) 7.260338
(37) 44.293399	(38) 23.130744	(39) 17.409795	(40) 12.132591
(41) 10.104582			

MAIOR DISTÂNCIA : 46.268679
 MENOR DISTÂNCIA : 2.547934

GENÓTIPO : 8
 GENÓTIPO : 17

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 14

(1) 50.470142	(2) 29.766443	(3) 40.021848	(4) 74.919974
(5) 6.068295	(6) 13.876693	(7) 13.571654	(8) 53.635103
(9) 21.322363	(10) 16.898265	(11) 36.556283	(12) 38.43808
(13) 14.440345		(15) 12.828702	(16) 37.344381
(17) 12.072548	(18) 23.703984	(19) 21.346319	(20) 25.51971
(21) 22.514104	(22) 20.106563	(23) 18.038767	(24) 27.490302
(25) 17.43545	(26) 31.453701	(27) 61.898496	(28) 48.685793
(29) 23.850994	(30) 22.468693	(31) 37.84682	(32) 26.779503
(33) 45.597499	(34) 50.435091	(35) 22.315914	(36) 14.718501
(37) 36.243098	(38) 42.188306	(39) 42.01216	(40) 40.29512
(41) 29.43755			

MAIOR DISTÂNCIA : 74.919974
 MENOR DISTÂNCIA : 6.068295

GENÓTIPO : 4
 GENÓTIPO : 5

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 15

(1) 45.252769	(2) 9.552695	(3) 30.147761	(4) 52.4238
(5) 9.785374	(6) 6.197677	(7) 7.078893	(8) 48.56179
(9) 5.67427	(10) 2.734924	(11) 18.727308	(12) 17.196938
(13) 2.747518	(14) 12.828702		(16) 12.041518
(17) 1.414928	(18) 3.349307	(19) 3.941258	(20) 7.38003
(21) 11.363852	(22) 1.874426	(23) 5.260794	(24) 8.88186
(25) 7.499278	(26) 24.613593	(27) 43.115014	(28) 30.975884
(29) 16.847723	(30) 10.660887	(31) 35.300831	(32) 14.952265
(33) 23.281835	(34) 50.210505	(35) 18.96609	(36) 10.08555
(37) 42.170338	(38) 27.823882	(39) 21.925907	(40) 15.406982
(41) 11.547082			

MAIOR DISTÂNCIA : 52.4238
 MENOR DISTÂNCIA : 1.414928

GENÓTIPO : 4
 GENÓTIPO : 17

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 16

(1) 35.645759	(2) 7.636933	(3) 15.360056	(4) 32.854298
(5) 22.850606	(6) 15.857193	(7) 12.595908	(8) 40.283949
(9) 4.355963	(10) 9.843914	(11) 12.328027	(12) 14.153589
(13) 7.871712	(14) 37.344381	(15) 12.041518	
(17) 12.363876	(18) 8.625673	(19) 8.212719	(20) 9.584479
(21) 15.224548	(22) 12.020689	(23) 11.650584	(24) 21.379066
(25) 14.530504	(26) 23.092494	(27) 23.51548	(28) 16.111676
(29) 18.959982	(30) 13.773224	(31) 30.602339	(32) 10.094759
(33) 8.413222	(34) 41.951781	(35) 20.331226	(36) 11.612981
(37) 53.14784	(38) 19.202642	(39) 11.694846	(40) 5.53941
(41) 6.183357			

MAIOR DISTÂNCIA : 53.14784
 MENOR DISTÂNCIA : 4.355963

GENÓTIPO : 37
 GENÓTIPO : 9

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 17

(1) 43.102497	(2) 7.846555	(3) 27.913958	(4) 56.755207
(5) 8.675589	(6) 6.176658	(7) 6.495986	(8) 45.370207
(9) 4.882222	(10) 3.834326	(11) 19.070379	(12) 15.711971
(13) 2.547934	(14) 12.072548	(15) 1.414928	(16) 12.363876
	(18) 4.017706	(19) 2.873457	(20) 6.747186
(21) 13.851237	(22) 1.829819	(23) 7.659308	(24) 9.116957
(25) 7.726857	(26) 24.136151	(27) 42.54721	(28) 30.960923
(29) 14.632869	(30) 12.65573	(31) 33.815755	(32) 16.436429
(33) 23.116475	(34) 49.957055	(35) 17.919924	(36) 10.622455
(37) 43.577039	(38) 32.20035	(39) 21.01266	(40) 15.866539
(41) 12.710741			

MAIOR DISTÂNCIA : 56.755207
 MENOR DISTÂNCIA : 1.414928

GENÓTIPO : 4
 GENÓTIPO : 15

 DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 18

(1) 45.897424	(2) 8.980945	(3) 29.201475	(4) 51.674933
(5) 17.199955	(6) 9.062557	(7) 9.722597	(8) 48.356829
(9) 5.046036	(10) 5.098251	(11) 12.052016	(12) 17.752153
(13) 4.273484	(14) 23.703984	(15) 3.349307	(16) 8.625673
(17) 4.017706		(19) 4.09437	(20) 8.791143
(21) 14.883033	(22) 1.611718	(23) 7.483265	(24) 10.087937
(25) 10.131028	(26) 26.327344	(27) 35.471707	(28) 27.289506
(29) 16.890119	(30) 13.864372	(31) 36.720334	(32) 18.454219
(33) 22.319696	(34) 51.367033	(35) 21.983328	(36) 15.59658
(37) 48.058171	(38) 29.527654	(39) 20.535155	(40) 14.767194
(41) 11.085568			

MAIOR DISTÂNCIA : 51.674933 GENÓTIPO : 4
 MENOR DISTÂNCIA : 1.611718 GENÓTIPO : 22

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 19

(1) 47.387309	(2) 5.366461	(3) 27.972894	(4) 53.573685
(5) 13.623531	(6) 12.432065	(7) 10.498749	(8) 50.394688
(9) 4.91919	(10) 5.673469	(11) 17.889449	(12) 10.910476
(13) 3.690726	(14) 21.346319	(15) 3.941258	(16) 8.212719
(17) 2.873457	(18) 4.09437		(20) 7.13184
(21) 11.590275	(22) 2.700374	(23) 8.92871	(24) 9.272455
(25) 11.278672	(26) 26.07739	(27) 42.575043	(28) 31.897073
(29) 18.191839	(30) 14.229236	(31) 37.203403	(32) 15.414378
(33) 20.342759	(34) 51.472122	(35) 21.938446	(36) 13.84633
(37) 48.146983	(38) 30.520691	(39) 18.002726	(40) 14.156844
(41) 10.601801			

MAIOR DISTÂNCIA : 53.573685 GENÓTIPO : 4
 MENOR DISTÂNCIA : 2.700374 GENÓTIPO : 22

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 20

(1) 40.135504	(2) 6.145106	(3) 27.440518	(4) 66.152516
(5) 20.731435	(6) 17.285497	(7) 16.511363	(8) 62.14339
(9) 8.506044	(10) 12.867498	(11) 30.379192	(12) 12.722283
(13) 5.167651	(14) 25.51971	(15) 7.38003	(16) 9.584479
(17) 6.747186	(18) 8.791143	(19) 7.13184	
(21) 26.155595	(22) 7.789277	(23) 15.830773	(24) 14.855634
(25) 18.66898	(26) 37.287866	(27) 51.052986	(28) 38.32379
(29) 26.662496	(30) 24.38446	(31) 45.598863	(32) 14.523086
(33) 24.541775	(34) 63.169907	(35) 31.149982	(36) 16.903794
(37) 69.925577	(38) 41.598932	(39) 25.179313	(40) 15.30231
(41) 19.926144			

MAIOR DISTÂNCIA : 69.925577 GENÓTIPO : 37
 MENOR DISTÂNCIA : 5.167651 GENÓTIPO : 13

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 21

(5) 11.878093	(6) 13.055239	(7) 7.368816	(8) 36.407202
(9) 12.10854	(10) 5.794753	(11) 11.919104	(12) 20.557315
(13) 10.867443	(14) 22.514104	(15) 11.363852	(16) 15.224548
(17) 13.851237	(18) 14.883033	(19) 11.590275	(20) 26.155595
	(22) 14.683715	(23) 4.253055	(24) 20.936624
(25) 6.57186	(26) 12.228077	(27) 29.968086	(28) 20.681232
(29) 13.249623	(30) 5.35758	(31) 20.843249	(32) 14.520311
(33) 15.323049	(34) 29.660629	(35) 11.639953	(36) 7.966058
(37) 22.538142	(38) 9.905218	(39) 16.997947	(40) 16.187642
(41) 6.171708			

MAIOR DISTÂNCIA : 48.61394 GENÓTIPO : 1
 MENOR DISTÂNCIA : 4.253055 GENÓTIPO : 23

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 22

(1) 49.915429	(2) 8.095568	(3) 35.01031	(4) 58.288541
(5) 15.560407	(6) 9.693064	(7) 9.990607	(8) 51.193475
(9) 6.1991	(10) 4.606508	(11) 18.043727	(12) 16.141038
(13) 4.404993	(14) 20.106563	(15) 1.874426	(16) 12.020689
(17) 1.829819	(18) 1.611718	(19) 2.700374	(20) 7.789277
(21) 14.683715		(23) 7.384572	(24) 5.738935
(25) 9.363633	(26) 28.873145	(27) 44.89382	(28) 34.081448
(29) 18.771322	(30) 15.171529	(31) 40.861745	(32) 21.086662
(33) 25.278532	(34) 58.239925	(35) 24.306558	(36) 16.009987
(37) 47.734611	(38) 34.573727	(39) 23.140638	(40) 16.299459
(41) 13.428684			

MAIOR DISTÂNCIA : 58.288541 GENÓTIPO : 4
 MENOR DISTÂNCIA : 1.611718 GENÓTIPO : 18

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 23

(1) 45.386768	(2) 11.161357	(3) 31.894064	(4) 33.14717
(5) 12.363171	(6) 9.065284	(7) 4.347299	(8) 38.31942
(9) 7.408107	(10) 2.445617	(11) 10.842938	(12) 17.500383

(13) 5.353639	(14) 18.038767	(15) 5.260794	(16) 11.650584
(17) 7.659308	(18) 7.483265	(19) 8.92871	(20) 15.830773
(21) 4.253055	(22) 7.384572		(24) 13.775448
(25) 2.279693	(26) 14.275608	(27) 28.675084	(28) 21.627146
(29) 11.034157	(30) 5.875233	(31) 23.323951	(32) 15.152339
(33) 17.25246	(34) 35.367711	(35) 13.882438	(36) 6.996632
(37) 28.942379	(38) 14.511428	(39) 20.641145	(40) 15.059586
(41) 8.344701			

MAIOR DISTÂNCIA : 45.386768

GENÓTIPO : 1

MENOR DISTÂNCIA : 2.279693

GENÓTIPO : 25

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 24

(1) 64.327466	(2) 17.652524	(3) 52.390739	(4) 71.133866
(5) 22.078645	(6) 19.561266	(7) 17.945175	(8) 49.573209
(9) 12.073035	(10) 14.202247	(11) 27.701005	(12) 27.941145
(13) 13.951424	(14) 27.490302	(15) 8.88186	(16) 21.379066
(17) 9.116957	(18) 10.087937	(19) 9.272455	(20) 14.855634
(21) 20.936624	(22) 5.738935	(23) 13.775448	
(25) 18.279623	(26) 47.581836	(27) 65.308641	(28) 49.99569
(29) 35.902489	(30) 28.784232	(31) 61.057058	(32) 33.030019
(33) 33.667648	(34) 84.31394	(35) 40.239908	(36) 22.46713
(37) 43.474416	(38) 47.621466	(39) 27.970747	(40) 22.225537
(41) 18.914936			

MAIOR DISTÂNCIA : 84.31394

GENÓTIPO : 34

MENOR DISTÂNCIA : 5.738935

GENÓTIPO : 22

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 25

(1) 45.388582	(2) 13.18694	(3) 31.391613	(4) 32.689683
(5) 10.352073	(6) 6.975789	(7) 3.597931	(8) 33.528723
(9) 8.376529	(10) 2.233284	(11) 10.841366	(12) 19.596812
(13) 6.830712	(14) 17.43545	(15) 7.499278	(16) 14.530504
(17) 7.726857	(18) 10.131028	(19) 11.278672	(20) 18.66898
(21) 6.57186	(22) 9.363633	(23) 2.279693	(24) 18.279623
	(26) 10.886097	(27) 26.004768	(28) 19.018701
(29) 6.647079	(30) 5.934681	(31) 17.448026	(32) 17.08948
(33) 16.505104	(34) 30.90655	(35) 9.756018	(36) 7.247101
(37) 30.772772	(38) 16.53305	(39) 19.450173	(40) 16.017641
(41) 10.427333			

MAIOR DISTÂNCIA : 45.388582

GENÓTIPO : 1

MENOR DISTÂNCIA : 2.233284

GENÓTIPO : 10

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 26

(1) 39.336928	(2) 20.819779	(3) 25.840242	(4) 19.815743
(5) 21.202612	(6) 16.184537	(7) 9.881566	(8) 42.668891
(9) 24.026397	(10) 13.303391	(11) 16.653225	(12) 21.839334
(13) 17.308087	(14) 31.453701	(15) 24.613593	(16) 23.092494
(17) 24.136151	(18) 26.327344	(19) 26.07739	(20) 37.287866
(21) 12.228077	(22) 28.873145	(23) 14.275608	(24) 47.581836
(25) 10.886097		(27) 12.968014	(28) 10.031386
(29) 2.76892	(30) 5.459159	(31) 3.095753	(32) 16.877351
(33) 16.30468	(34) 7.175639	(35) 3.383781	(36) 13.87163
(37) 37.286943	(38) 9.288753	(39) 25.968178	(40) 23.230738
(41) 17.006774			

MAIOR DISTÂNCIA : 47.581836

GENÓTIPO : 24

MENOR DISTÂNCIA : 2.76892

GENÓTIPO : 29

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 27

(1) 49.088314	(2) 34.987992	(3) 27.263198	(4) 15.032865
(5) 43.668244	(6) 29.120511	(7) 22.85943	(8) 34.930773
(9) 29.718791	(10) 28.612326	(11) 13.460024	(12) 41.305766
(13) 32.953039	(14) 61.898496	(15) 43.115014	(16) 23.51548
(17) 42.54721	(18) 35.471707	(19) 42.575043	(20) 51.052986
(21) 29.968086	(22) 44.89382	(23) 28.675084	(24) 65.308641
(25) 26.004768	(26) 12.968014		(28) 5.019136
(29) 15.341328	(30) 18.3916	(31) 13.840134	(32) 29.543693
(33) 17.484705	(34) 15.221737	(35) 16.295216	(36) 26.39843
(37) 50.019409	(38) 12.905919	(39) 28.588188	(40) 27.6469
(41) 22.340837			

MAIOR DISTÂNCIA : 65.308641

GENÓTIPO : 24

MENOR DISTÂNCIA : 5.019136

GENÓTIPO : 28

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 28			
(1) 33.379304	(2) 26.692653	(3) 17.200142	(4) 10.594523
(5) 28.977958	(6) 16.903043	(7) 13.90241	(8) 26.258634
(9) 20.889781	(10) 19.306789	(11) 11.172069	(12) 32.449827
(13) 23.091115	(14) 48.685793	(15) 30.975884	(16) 16.111676
(17) 30.960923	(18) 27.289506	(19) 31.897073	(20) 38.32379
(21) 20.681232	(22) 34.081448	(23) 21.627146	(24) 49.99569
(25) 19.018701	(26) 10.031386	(27) 5.019136	
(29) 11.756011	(30) 11.874122	(31) 10.120577	(32) 16.014559
(33) 6.655095	(34) 16.813289	(35) 8.157938	(36) 14.761308
(37) 41.036395	(38) 8.993832	(39) 14.13605	(40) 12.583178
(41) 11.134008			
MAIOR DISTÂNCIA : 49.99569		GENÓTIPO : 24	
MENOR DISTÂNCIA : 5.019136		GENÓTIPO : 27	
DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 29			
(1) 38.22122	(2) 14.364256	(3) 25.0072	(4) 29.758672
(5) 15.355805	(6) 9.608588	(7) 5.528011	(8) 39.438221
(9) 16.621451	(10) 8.676824	(11) 12.904373	(12) 17.753288
(13) 10.360376	(14) 23.850994	(15) 16.847723	(16) 18.959982
(17) 14.632869	(18) 16.890119	(19) 18.191839	(20) 26.662496
(21) 13.249623	(22) 18.771322	(23) 11.034157	(24) 35.902489
(25) 6.647079	(26) 2.76892	(27) 15.341328	(28) 11.756011
	(30) 6.234525	(31) 5.71651	(32) 15.833107
(33) 16.26966	(34) 14.036649	(35) 3.369318	(36) 11.990105
(37) 38.731456	(38) 15.802466	(39) 22.158093	(40) 20.34221
(41) 15.584154			
MAIOR DISTÂNCIA : 39.438221		GENÓTIPO : 8	
MENOR DISTÂNCIA : 2.76892		GENÓTIPO : 26	
DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 30			
(1) 43.680709	(2) 14.916821	(3) 24.686373	(4) 21.134393
(5) 13.613098	(6) 7.380378	(7) 4.826992	(8) 37.106479
(9) 12.442413	(10) 4.03925	(11) 12.120147	(12) 19.070504
(13) 9.503029	(14) 22.468693	(15) 10.660887	(16) 13.773224
(17) 12.65573	(18) 13.864372	(19) 14.229236	(20) 24.38446
(21) 5.35758	(22) 15.171529	(23) 5.875233	(24) 28.784232
(25) 5.934681	(26) 5.459159	(27) 18.3916	(28) 11.874122
(29) 6.234525		(31) 13.410022	(32) 12.031871
(33) 12.844577	(34) 19.735627	(35) 5.141684	(36) 7.337298
(37) 29.889586	(38) 6.71196	(39) 18.363446	(40) 14.600464
(41) 7.838143			
MAIOR DISTÂNCIA : 43.680709		GENÓTIPO : 1	
MENOR DISTÂNCIA : 4.03925		GENÓTIPO : 10	
DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 31			
(1) 38.621568	(2) 29.767289	(3) 27.347905	(4) 20.748505
(5) 24.341792	(6) 21.06151	(7) 14.85907	(8) 41.791465
(9) 31.577853	(10) 22.181461	(11) 21.197903	(12) 30.385142
(13) 24.21186	(14) 37.84682	(15) 35.300831	(16) 30.602339
(17) 33.815755	(18) 36.720334	(19) 37.203403	(20) 45.598863
(21) 20.843249	(22) 40.861745	(23) 23.323951	(24) 61.057058
(25) 17.448026	(26) 3.095753	(27) 13.840134	(28) 10.120577
(29) 5.71651	(30) 13.410022		(32) 18.393067
(33) 18.118404	(34) 4.312623	(35) 4.429383	(36) 17.457613
(37) 43.363595	(38) 13.635915	(39) 26.991225	(40) 28.318836
(41) 23.683509			
MAIOR DISTÂNCIA : 61.057058		GENÓTIPO : 24	
MENOR DISTÂNCIA : 3.095753		GENÓTIPO : 26	
DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 32			
(1) 28.612878	(2) 12.556883	(3) 14.535276	(4) 30.187906
(5) 13.735226	(6) 13.109512	(7) 10.710718	(8) 46.091311
(9) 13.314921	(10) 12.757952	(11) 21.673561	(12) 14.522335
(13) 8.042554	(14) 26.779503	(15) 14.952265	(16) 10.094759
(17) 16.436429	(18) 18.454219	(19) 15.414378	(20) 14.523086
(21) 14.520311	(22) 21.086662	(23) 15.152339	(24) 33.030019
(25) 17.08948	(26) 16.877351	(27) 29.543693	(28) 16.014559
(29) 15.833107	(30) 12.031871	(31) 18.393067	

(33) 8.962175 (34) 27.231985 (35) 11.275103 (36) 6.984507
 (37) 49.53252 (38) 15.435927 (39) 11.888815 (40) 9.368817
 (41) 10.345725

MAIOR DISTÂNCIA : 49.53252 GENÓTIPO : 37
 MENOR DISTÂNCIA : 6.984507 GENÓTIPO : 36

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 33

(1) 37.728841 (2) 16.1903 (3) 19.812787 (4) 14.315936
 (5) 23.316957 (6) 16.351744 (7) 12.246447 (8) 26.863509
 (9) 13.491568 (10) 14.831237 (11) 14.260271 (12) 19.94517
 (13) 16.420982 (14) 45.597499 (15) 23.281835 (16) 8.413222
 (17) 23.116475 (18) 22.319696 (19) 20.342759 (20) 24.541775
 (21) 15.323049 (22) 25.278532 (23) 17.25246 (24) 33.667648
 (25) 16.505104 (26) 16.30468 (27) 17.484705 (28) 6.655095
 (29) 16.26966 (30) 12.844577 (31) 18.118404 (32) 8.962175
 (34) 29.850026 (35) 12.587895 (36) 10.325532
 (37) 42.873595 (38) 11.663268 (39) 4.371527 (40) 3.686628
 (41) 6.154623

MAIOR DISTÂNCIA : 45.597499 GENÓTIPO : 14
 MENOR DISTÂNCIA : 3.686628 GENÓTIPO : 40

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 34

(1) 52.257316 (2) 43.624325 (3) 34.225594 (4) 23.278276
 (5) 37.392556 (6) 34.86676 (7) 27.104589 (8) 56.582053
 (9) 45.674594 (10) 34.873026 (11) 30.32826 (12) 42.514992
 (13) 37.2638 (14) 50.435091 (15) 50.210505 (16) 41.951781
 (17) 49.957055 (18) 51.367033 (19) 51.472122 (20) 63.169907
 (21) 29.660629 (22) 58.239925 (23) 35.367711 (24) 84.31394
 (25) 30.90655 (26) 7.175639 (27) 15.221737 (28) 16.813289
 (29) 14.036649 (30) 19.735627 (31) 4.312623 (32) 27.231985
 (33) 29.850026 (35) 11.449059 (36) 28.8
 (37) 52.75846 (38) 15.137407 (39) 41.305577 (40) 44.505163
 (41) 35.166748

MAIOR DISTÂNCIA : 84.31394 GENÓTIPO : 24
 MENOR DISTÂNCIA : 4.312623 GENÓTIPO : 31

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 35

(1) 34.147622 (2) 20.988725 (3) 19.357944 (4) 22.382057
 (5) 10.915627 (6) 7.593048 (7) 5.432177 (8) 30.794025
 (9) 17.474542 (10) 10.445648 (11) 14.018612 (12) 24.85553
 (13) 13.311398 (14) 22.315914 (15) 18.96609 (16) 20.331226
 (17) 17.919924 (18) 21.983328 (19) 21.938446 (20) 31.149982
 (21) 11.639953 (22) 24.306558 (23) 13.882438 (24) 40.239908
 (25) 9.756018 (26) 3.383781 (27) 16.295216 (28) 8.157938
 (29) 3.369318 (30) 5.141684 (31) 4.429383 (32) 11.275103
 (33) 12.587895 (34) 11.449059 (36) 7.622014
 (37) 30.642055 (38) 10.800241 (39) 16.408592 (40) 17.408978
 (41) 11.703928

MAIOR DISTÂNCIA : 40.239908 GENÓTIPO : 24
 MENOR DISTÂNCIA : 3.369318 GENÓTIPO : 29

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 36

(1) 31.322465 (2) 15.472833 (3) 17.479152 (4) 28.145937
 (5) 5.753887 (6) 6.453013 (7) 2.96758 (8) 24.404471
 (9) 7.019225 (10) 7.06989 (11) 14.287192 (12) 22.577155
 (13) 7.260338 (14) 14.718501 (15) 10.08555 (16) 11.612981
 (17) 10.622455 (18) 15.59658 (19) 13.84633 (20) 16.903794
 (21) 7.966058 (22) 16.009987 (23) 6.996632 (24) 22.46713
 (25) 7.247101 (26) 13.87163 (27) 26.39843 (28) 14.761308
 (29) 11.990105 (30) 7.337298 (31) 17.457613 (32) 6.984507
 (33) 10.325532 (34) 28.8 (35) 7.622014
 (37) 25.022856 (38) 12.462059 (39) 12.272849 (40) 10.330747
 (41) 5.7853

MAIOR DISTÂNCIA : 31.322465 GENÓTIPO : 1
 MENOR DISTÂNCIA : 2.96758 GENÓTIPO : 7

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 37

(1) 79.715529 (2) 59.534193 (3) 63.39953 (4) 43.050836
 (5) 27.265165 (6) 31.252037 (7) 24.056602 (8) 20.535105

Apêndice 8. Distâncias entre acessos

MÁXIMO = 84.31394	ACESSOS : 24 e 34
MÍNIMO = 1.414928	ACESSOS : 15 e 17
SOMA DAS ESTIMATIVAS	18051.301819
SOMA DE QUAD. DAS EST.	574102.347832
MÉDIA DAS ESTIMATIVAS	22.013783

CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DOS CARACTERES PARA DIVERGÊNCIA - SINGH(1981)
Cálculo feito com médias não padronizadas

VARIÁVEL	S. j	VALOR EM %
x 1	767.685	4.2528
x 2	1640.922669	9.0903
x 3	2175.273271	12.0505
x 4	2527.701357	14.0029
x 5	574.090297	3.1803
x 6	725.908009	4.0214
x 7	975.256138	5.4027
x 8	1357.398148	7.5197
x 9	3269.057802	18.1098
x 10	2719.383961	15.0648
x 11	1318.625166	7.3049

ESTATÍSTICAS DESCRITIVAS

VARIÁVEL	VARIÂNCIA	MÉDIA	MÁXIMO	MÍNIMO
1	.88367	4.233902	6.69	2.75
2	.018453	.723171	1.25	.5
3	28.31894	17.222683	31.2	6.77
4	.019223	.756829	1.14	.46
5	73.26195	41.017073	62.0	25.0
6	.111695	2.792683	3.5	1.9
7	2.575125	7.45639	11.09	4.24
8	.03911	2.080488	3.1	2.0
9	4.250703	8.198537	13.1	4.28
10	.00161	.318293	.4	.2
11	138.367975	30.604878	59.0	13.2
TOTAL	247.848453			

Apêndice 9. Método de Tocher - Agrupamentos

LIMITE DE DISTÂNCIA INTERGRUPO

(1) 12.68036	(2) 2.342926	(3) 12.68036	(4) 6.632516	(5) 5.753887
(6) 2.982383	(7) 2.96758	(8) 20.535105	(9) 4.355963	(10) 2.233284
(11) 7.168752	(12) 2.342926	(13) 2.547934	(14) 6.068295	(15) 1.414928
(16) 4.355963	(17) 1.414928	(18) 1.611718	(19) 2.700374	(20) 5.167651
(21) 4.253055	(22) 1.611718	(23) 2.279693	(24) 5.738935	(25) 2.233284
(26) 2.76892	(27) 5.019136	(28) 5.019136	(29) 2.76892	(30) 4.03925
(31) 3.095753	(32) 6.984507	(33) 3.686628	(34) 4.312623	(35) 3.369318
(36) 2.96758	(37) 20.535105	(38) 6.632516	(39) 4.371527	(40) 3.686628
(41) 4.852461				

MAIOR ENTRE OS MÍNIMOS

20.535105

FORMAÇÃO DOS GRUPOS

GRUPO	INDIVÍDUOS																
< 1 >	15	17	22	18	19	13	10	9	23	7	25	6	36	41	30	21	5
16	2	29	40	32	35	11	33	39	20	26	12	28	38				
< 2 >	31	34	27	4													
< 3 >	1	3															
< 4 >	8	37															
< 5 >	14																
< 6 >	24																

Grupo : 1

Variável	Média	Mínimo	Máximo
x 1	3.955484	2.98	5.38
x 2	.693548	.5	.87
x 3	16.675484	11.25	27.17
x 4	.731935	.46	.88
x 5	41.16129	25.	62.
x 6	2.764516	1.9	3.2
x 7	7.318774	4.35	9.65
x 8	2.045161	2.	2.3
x 9	7.885806	5.18	11.63
x 10	.316452	.26	.38
x 11	27.590323	13.2	46.

Grupo : 2

Variável	Média	Mínimo	Máximo
x 1	5.35	4.35	6.69
x 2	.79	.71	.91
x 3	27.285	21.02	31.2
x 4	.87	.82	.97
x 5	35.375	25.5	43.
x 6	2.975	2.9	3.1
x 7	9.59	8.41	11.09
x 8	2.05	2.	2.1
x 9	12.1375	10.98	13.1
x 10	.35	.3	.4
x 11	40.5	26.	48.

Grupo : 3			
Variável	Média	Mínimo	Máximo
x 1	5.885	5.49	6.28
x 2	.58	.56	.6
x 3	15.985	15.05	16.92
x 4	.605	.53	.68
x 5	33.5	30.	37.
x 6	3.25	3.	3.5
x 7	7.995	6.08	9.91
x 8	2.85	2.6	3.1
x 9	7.65	7.56	7.74
x 10	.32	.31	.33
x 11	46.75	46.	47.5

Grupo : 4			
Variável	Média	Mínimo	Máximo
x 1	5.345	5.15	5.54
x 2	1.13	1.01	1.25
x 3	13.28	11.64	14.92
x 4	1.1	1.06	1.14
x 5	52.5	49.	56.
x 6	2.55	2.2	2.9
x 7	7.375	6.52	8.23
x 8	2.	2.	2.
x 9	8.56	8.1	9.02
x 10	.345	.3	.39
x 11	48.	37.	59.

Grupo : 5			
Variável	Média	Mínimo	Máximo
x 1	4.36	4.36	4.36
x 2	.77	.77	.77
x 3	14.75	14.75	14.75
x 4	.8	.8	.8
x 5	36.7	36.7	36.7
x 6	2.9	2.9	2.9
x 7	5.49	5.49	5.49
x 8	2.	2.	2.
x 9	6.43	6.43	6.43
x 10	.2	.2	.2
x 11	34.5	34.5	34.5

Grupo : 6			
Variável	Média	Mínimo	Máximo
x 1	2.75	2.75	2.75
x 2	.8	.8	.8
x 3	6.77	6.77	6.77
x 4	.65	.65	.65
x 5	55.5	55.5	55.5
x 6	2.4	2.4	2.4
x 7	4.24	4.24	4.24
x 8	2.	2.	2.
x 9	4.28	4.28	4.28
x 10	.31	.31	.31
x 11	13.5	13.5	13.5

Apêndice 10. ANOVA morfologia

```

=====
Programa GENES      INT. AO ACASO COM TESTEMUNHAS ADICIONAIS
Número de variáveis :      11
Número de genótipos :      41
Número de testemunhas :      0
=====

```

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1 Bainha Comprimento

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
TRATAMENTOS	40	353.467756	8.836694	4.9931	.0
RESÍDUO	369	653.051	1.769786		
TOTAL	409	1006.5188			
MÉDIA geral			4.23390243902439		
CV(%)			31.4209650679782		

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	.883669
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	.176979
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	.706691
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	79.9723
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	28.5361
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	19.8552
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	.6319
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2 Bainha Largura

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
TRATAMENTOS	40	7.380878	.184522	9.3157	.0
RESÍDUO	369	7.309	.019808		
TOTAL	409	14.6899			
MÉDIA geral			0.723170731707317		
CV(%)			19.4614393385617		

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	.018452
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	.001981
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	.016471
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	89.2655
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	45.4021
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	17.747
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	.9119
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 3 Folha Comprimento

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
TRATAMENTOS	40	11327.576049	283.189401	12.5611	.0
RESÍDUO	369	8319.063	22.544886		
TOTAL	409	19646.639			

MÉDIA geral	17.2226829268293
CV(%)	27.5691399054326

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	28.31894
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	2.254489
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	26.064452
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	92.0389
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	53.6203
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	29.6431
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1.0752
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 4 Folha Largura

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
Probabilidade					
TRATAMENTOS	40	7.688878	.192222	14.4844	.0
RESÍDUO	369	4.897	.013271		
TOTAL	409	12.5859			
MÉDIA geral			0.756829268292683		
CV(%)			15.221377261337		

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	.019222
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	.001327
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	.017895
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	93.096
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	57.4185
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	17.6754
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1.1612
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 5 Folha Angulação

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
Probabilidade					
TRATAMENTOS	40	29304.780488	732.619512	4.3715	.0
RESÍDUO	369	61840.1	167.588347		
TOTAL	409	91144.880488			
MÉDIA geral			41.01707		
CV(%)			31.5614702522655		

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	73.261951
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	16.758835
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	56.503117
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	77.1248
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	25.2143
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	18.3262
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	.5806
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 6 Número de Nós

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
Probabilidade					
TRATAMENTOS	40	44.67883	1.116971	3.9366	.0
RESÍDUO	369	104.699219	.283738		
TOTAL	409	149.378049			
MÉDIA geral			2.792683		
CV(%)			19.0737863556772		
PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos					
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)			.111697		
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)			.028374		
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)			.083323		
HERDABILIDADE (US : média da família) - %			74.5976		
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %			22.7001		
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)			10.3362		
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos			.5419		
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES			10.		

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 7 Comprimento de Entrenós

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
Probabilidade					
TRATAMENTOS	40	1028.824439	25.720611	5.5397	.0
RESÍDUO	369	1713.254	4.642965		
TOTAL	409	2742.0784			
MÉDIA geral			7.45804878048781		
CV(%)			28.891658612834		
PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos					
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)			2.572061		
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)			.464296		
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)			2.107765		
HERDABILIDADE (US : média da família) - %			81.9485		
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %			31.2228		
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)			19.4664		
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos			.6738		
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES			10.		

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 8 Racemo Número

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	
Probabilidade					
TRATAMENTOS	40	15.643829	.391096	7.7173	.0
RESÍDUO	369	18.700073	.050678		
TOTAL	409	34.343902			
MÉDIA geral			2.080488		
CV(%)			10.820399913775		
PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos					
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)			.03911		
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)			.005068		
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)			.034042		
HERDABILIDADE (US : média da família) - %			87.0421		
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %			40.1818		
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)			8.8683		
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos			.8196		
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES			10.		

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 9 Racemo Comprimento

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Probabilidade				
TRATAMENTOS	40	1700.281122	42.507028	19.3438
RESÍDUO	369	810.858	2.197447	.0
TOTAL	409	2511.1391		
MÉDIA geral			8.19853658536585	
CV(%)			18.0810180956177	

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	4.250703
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	.219745
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	4.030958
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	94.8304
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	64.7189
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	24.4888
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1.3544
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 10 Espigueta Comprimento

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Probabilidade				
TRATAMENTOS	40	.643805	.016095	17.0175
RESÍDUO	369	.349	.000946	.0
TOTAL	409	.9928		
MÉDIA geral			0.318292682926829	
CV(%)			9.66212997778299	

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	.00161
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	.000095
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	.001515
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	94.1237
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	61.5643
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	12.2284
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1.2656
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

ANALISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 11 Racemos Angulação

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Probabilidade				
TRATAMENTOS	40	55347.190268	1383.679757	9.3347
RESÍDUO	369	54696.799976	148.22981	.0
TOTAL	409	110043.990244		
MÉDIA geral			30.60488	
CV(%)			39.7811314566524	

PARÂMETROS GENÉTICOS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	138.367976
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	14.822981
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	123.544995
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	89.2873
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US : parcela) - %	45.4586
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	36.318
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	.9129
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	10.

VITA

Marcelo Gomes Steiner, filho de Dino Steiner e Maria Inez Gomes Steiner, nasceu em 28 de junho de 1977, no município de Porto Alegre, Rio Grande do Sul e radicado aos seis meses de idade, no município de Santiago, Rio Grande do Sul.

Iniciou seu ensino básico na Escola Estadual de primeiro grau Apolinário Portoalegre, completando o ensino básico no Colégio Medianeira no ano de 1991. O ensino médio foi realizado no Colégio Medianeira, e concluído em 1994, ambos em Santiago.

Graduou-se em Agronomia pela Universidade Federal do Rio Grande do Sul no primeiro semestre de 2003.

Ingressou no Curso de Mestrado em Zootecnia, área de concentração Plantas Forrageiras, do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul no primeiro semestre de 2003.