

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

**CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MOLECULAR, MORFOLÓGICA E
DETERMINAÇÃO DO NÍVEL DE PLOIDIA EM UMA COLEÇÃO DE
ACESSOS DE *Paspalum notatum* FLÜGGE**

JULIANA MARIA FACHINETTO
Bióloga (UFSM)

Dissertação apresentada como um dos requisitos à obtenção do Grau de
Mestre em Zootecnia
Área de Concentração Plantas Forrageiras

Porto Alegre (RS), Brasil
Março de 2010

*“Todo mundo ama um dia,
Todo mundo chora.
Um dia a gente chega
E no outro vai embora.
Cada um de nós compõe a sua história,
Cada ser em si, carrega o dom de ser capaz,
De ser feliz.”*

Almir Satter

*Dedico,
Aos meus pais, JANDIR e IRIA, por tudo o que sou.
A minha irmã, ROSE, pelo exemplo, apoio e incentivo,
Ao meu noivo, WAGNER, por todo seu amor.*

AGRADEÇO

Primeiramente a Deus, por ter me dado a vida e criado um mundo tão perfeito!

Aos meus pais, Jandir e Iria, por todo o incentivo, amor incondicional, ensinamentos!

A minha irmã Rose, por ter se tornado um exemplo a seguir!

Ao meu noivo Wagner, por toda a compreensão, amor e cumplicidade!

A minha “filhota” Cindy, por seu amor, carinho e alegria intensa!

Ao meu orientador, Miguel Dall’Agnol, por sua confiança, amizade e principalmente por seus ensinamentos!

Aos meus colegas e amigos de Pós Graduação, bolsistas, funcionários da Estação, que tantas vezes me auxiliaram nos experimentos!

A todas as pessoas que de alguma forma contribuíram para que eu chegasse até aqui!

Ao CNPq, pela concessão da bolsa!

Obrigada!

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, MOLECULAR, MORFOLÓGICA E DETERMINAÇÃO DO NÍVEL DE PLOIDIA EM UMA COLEÇÃO DE ACESSOS DE *Paspalum notatum* FLÜGGE¹

Autora: Juliana Maria Fachinetto

Orientador: Miguel Dall`Agnol

Co-orientador: Maria Teresa Schifino-Wittmann

RESUMO

Paspalum notatum é uma espécie forrageira de ampla ocorrência no sul do Brasil. Esta espécie consiste de biótipos diplóides sexuais (*P. notatum* var. *saurae*), restritos à Argentina, e apomíticos poliplóides (*P. notatum* var. *notatum*). Este trabalho teve por objetivos a caracterização agronômica, molecular e morfológica, e determinar o nível de ploidia em uma coleção de acessos de *P. notatum*. O experimento foi implantado na Estação Experimental Agronômica da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, em Eldorado do Sul, consistindo de 52 acessos de *P. notatum*, a cultivar comercial Pensacola e dois biótipos de *P. guenoarum*, Baio e Azulão. As avaliações foram realizadas em plantas individuais, em delineamento completamente casualizado, com cinco repetições durante os anos de 2008-2009. Houve variabilidade para todas as características morfológicas analisadas, com a formação de 16 grupos morfológicos. O hábito das plantas, pilosidade da bainha e das lâminas foliares foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética, somando 55,16% da variação. Houve variação das produções forrageiras entre os diferentes acessos. A maioria dos acessos de *P. notatum* apresentou elevadas produções de matéria seca ao serem comparados com a cultivar Pensacola. Os acessos 48N, 95N, 70N e V4 apresentaram as maiores produções além de apresentarem persistência ao inverno da região. Na caracterização molecular, os oito marcadores SSR formaram nove grupos, com índice de similaridade média de 0,29, variando de zero a 0,83. O conteúdo de informação de polimorfismo variou de 0,41 a 0,69, com todos os locos polimórficos. Dos 25 acessos de *P. notatum* para os quais foi determinado o nível de ploidia, quatro acessos são diplóides ($2n=2x=20$ cromossomos) e os demais tetraplóides ($2n=4x=40$ cromossomos). Os quatro acessos diplóides são pertencentes à *P. notatum* var. *saurae*, e foram coletados na região de origem da Pensacola. Os resultados indicaram uma grande variabilidade em todas as análises realizadas, reforçando estudos realizados anteriormente para a espécie. A boa produção forrageira de alguns acessos e a detecção de acessos diplóides, aliado às informações de similaridade genética e morfológica obtidos com este estudo, pode ser de grande importância em futuros estudos de melhoramento genético com a espécie *P. notatum*.

¹ Dissertação de Mestrado em Zootecnia – Plantas Forrageiras, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (133p.). Março, 2010.

AGRONOMIC, MOLECULAR, MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION AND DETERMINATION OF PLOIDY LEVEL OF A COLLECTION OF *Paspalum notatum* FLÜGGE ACCESSIONS¹

Author: Juliana Maria Fachinetto

Adviser: Miguel Dall'Agnol

Co-adviser: Maria Teresa Schifino-Wittmann

ABSTRACT

Paspalum notatum is a forage species widely occurring in Southern Brazil. This species consists of sexual diploid (*P. notatum* var. *saurae*), restrict of the Argentina, and apomictic polyploid (*P. notatum* var. *notatum*) biotypes. This work has the objective to make the agronomic, molecular and morphological characterization, and to determine the ploidy level of the collection of *P. notatum* accessions. The experiment was carried out at the Experimental Agronomic Station of Universidade Federal do Rio Grande do Sul, in Eldorado do Sul, consisting of 52 accessions of *P. notatum*, the commercial cultivar Pensacola and two biotypes of *P. guenoarum*, Baio and Azulão. The assessments were performed in individual plants, in completely randomized design, with five replicates, during the 2008-2009 years. There was variation to the morphological characters analyzed with the formation of 16 morphological groups. The plants growth habit and the leaves pubescence were the characters with the major contribution to the genetic divergence, contributing with around 55,16%. There was variation of the forage production among the different accessions. Most accessions of *P. notatum* presented high yield when compared to the cultivar Pensacola. The accessions 48N, 95N, 70N and V4 showed high yield and also, showed persistence to the winter of the region. In the molecular characterization, the eight SSR markers formed nine groups, with a genetic similarity (Jaccard Index) of 0,29, ranging from 0,0 to 0,83. The polymorphism information content ranging 0,41 a 0,69, and all locus were polymorphic. The chromosome numbers were determined in 25 accessions of *P. notatum*, and four were diploids ($2n=2x=20$ chromosome) and 21 accessions were tetraploid ($2n=4x=40$ chromosome). The four diploids accessions belong to *P. notatum* var. *saurae*, and were collected in the region of origin of the Pensacola. The results showed variability in all analysis performed, in accord with previous studies to this species. The good forage production in some accessions and the detection of diploids accessions, associated with information of genetic and morphological similarity, can be important in futures studies of plant breeding in *P. notatum*.

¹ Master of Science Dissertation in Forage Science, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (133p.). March, 2009.

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	4
2.1 O Gênero <i>Paspalum</i> L.	4
2.2 A Espécie <i>Paspalum notatum</i> Flüge	6
2.3 Citogenética em <i>Paspalum</i>	8
2.4 Modo de Reprodução em <i>Paspalum</i>	9
2.5 Caracterização Morfológica em <i>Paspalum</i>	12
2.6 Avaliação Agronômica em <i>Paspalum</i>	15
2.7 Marcadores Moleculares em <i>Paspalum</i>	21
3. MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1 Material Utilizado	25
3.2 Avaliação Agronômica	26
3.3 Caracterização Morfológica	28
3.4 Produção de Matéria Seca e Análise da Persistência	30
3.5 Análise Molecular	31
3.6 Determinação do Nível de Ploidia	35
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4.1 Caracterização Morfológica	37
4.2 Avaliação Agronômica	55
4.3 Análise Molecular	70
4.4 Determinação do Nível de Ploidia por Meiose	77
5. CONCLUSÕES	82
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	83
7. APÊNDICES	89
8. VITA	133

RELAÇÃO DE TABELAS

	Página
1. Identificação e local de coleta dos acessos de <i>Paspalum notatum</i> e <i>P. guenoarum</i>	27
2. Características morfológicas avaliadas nos diferentes acessos e forma de avaliação	29
3. <i>Primers</i> de microsatélites utilizados na amplificação de 53 acessos de <i>Paspalum notatum</i>	35
4. Características morfológicas dos acessos de <i>P. notatum</i> (m= média, s= desvio padrão)	39
5. Estatística descritiva obtidas pela análise da distância de Mahalanobis	42
6. Caracterização dos 16 grupos formados pelo Método de Tocher (valores médios, máximos e mínimos de cada grupo para as 14 variáveis).	43
7. Contribuição relativa dos caracteres para divergência, obtidas a partir do Método de Singh (1981)	53
8. Produção de MST e MSF em cada corte e o total acumulado do período de verão no primeiro período de avaliações (verão – 2009), em (g.planta ⁻¹).	56
9. Produção de MST e MSF dos acessos de <i>P. guenoarum</i> durante o inverno (2009), em g.planta ⁻¹	59
10. Produção de MST e MSF em cada corte e o total do segundo ano de avaliações (2009-2010), em g.planta ⁻¹	61
11. Produção de MST e MSF total, em g.planta ⁻¹ , e percentual de produção em relação à cultivar Pensacola (100%).	65
12. Tamanho alélico (pb), número de alelos (A) e conteúdo de informação de polimorfismo (PIC), de cada um dos 8 marcadores de microsatélites analisados na caracterização de 53 acessos de <i>P. notatum</i>	71
13. Nível de ploidia dos acessos de <i>P. notatum</i>	79

RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
1. A- Visão geral da área experimental na EEA em Eldorado do Sul/RS. Foto tirada em outubro de 2008. B- Foto tirada em novembro de 2009.....	28
2. Plantas de diferentes acessos de <i>Paspalum</i> , fotografadas em 16/11/2009. A – <i>P. guenoarum</i> , acesso Baio. B – <i>P. notatum</i> , acesso 48N. C – <i>P. notatum</i> , cultivar Pensacola.....	63
3. Gráfico com as produções de MST por avaliação, para a cultivar Pensacola, média dos 4 melhores acessos de <i>P. notatum</i> e de todos os acessos desta espécie e média dos acessos de <i>P. guenoarum</i>	68
4. Gel de agarose com fragmentos de DNA de DNA de 15 acessos de <i>P. notatum</i> em análise do <i>primer</i> de microssatélite M12-52	71
5. Dendrograma obtido com base na similaridade genética de 51 acessos de <i>P. notatum</i> , utilizando-se 8 marcadores microssatélites. A linha tracejada indica a distância média e o ponto de corte no dendrograma.....	73
6. Células meióticas. A - <i>P. notatum</i> 66N, diacinese, $n= 2x= 10$ cromossomos. B - <i>P. notatum</i> 92N, diacinese, $n= 2x= 10$ cromossomos. C - <i>P. notatum</i> 36N, anáfase I, $n= 4x= 20$ cromossomos	78

RELAÇÃO DE ABREVIATURAS

A: Número de Alelos por loco
AFLP: Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados
ANOVA: Análise de Variância
BC: Comprimento da Bainha
BCr: Coloração da Bainha
BL: Largura da Bainha
BP: Pilosidade da Bainha
CMP: Células Mãe de Pólen
CN: Carlos Nabinger
DNA: Ácido Desoxirribonucléico
DPFA: Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia
EEA: Estação Experimental Agronômica
FAI: Angulação de Inserção Foliar
FC: Comprimento Foliar
FCNC: Cor da Nervura Central Foliar
FDA: Fibra em Detergente Ácido
FDN: Fibra em Detergente Neutro
FL: Largura Foliar
FP: Pilosidade Foliar
HFA: Altura das Hastes Floríferas
HP: Hábito da Planta
IAR: Angulação de Inserção dos Racemos
ICR: Comprimento dos Racemos
INR: Número de Racemos na Inflorescências
ISSR: Intersequências Simples Repetidas
LAG: Laboratório de Análise Genética
MD: Miguel Dall`Agnol
MS: Matéria Seca
MSC: Matéria seca de Colmos
MSF: Matéria Seca de Folhas
MST: Matéria Seca Total
N: Nitrogênio
pb: par de base
PIC: Conteúdo de Informação de Polimorfismo
PB: Proteína Bruta
RAPD: Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso
rpm: rotações por minuto
RS: Rio Grande do Sul
SP: São Paulo
SSR: Simple Sequence Repeat
UFRGS: Universidade Federal do Rio Grande do Sul
USDA: Departamento de Agricultura dos Estados Unidos

1. INTRODUÇÃO

As pastagens nativas do Rio Grande do Sul desempenham um papel importante na atividade pecuária, representando 76% da área pastoril utilizada (Nabinger, 2006). Desta forma, o conhecimento mais aprofundado de espécies que compõem o campo nativo torna-se necessário para que possam ser mais bem utilizadas e preservadas.

Dentre as gramíneas nativas do Brasil, as espécies do gênero *Paspalum* L. têm lugar de destaque, possuindo grande número de espécies, muitas delas com bom valor forrageiro. Segundo Prestes et al. (1976), o gênero *Paspalum* apresenta importante valor agrônômico, servindo de base alimentar para bovinos além de que suas sementes são importantes fontes alimentares para pássaros.

No Rio Grande do Sul, *P. notatum* é frequente em todas as regiões fisiográficas, contribuindo com grande expressividade para a cobertura dos campos naturais (Canto-Dorow, 1993). Segundo Barreto (1974), esta espécie apresenta tendência a aumentar contínua e gradativamente nos campos, favorecida pelo seu hábito e pelo pastejo e pisoteio contínuo do gado. É considerada uma das forrageiras mais promissoras no Rio Grande do Sul.

Paspalum notatum exibe diferentes formas, que podem estar

associadas com a poliploidia apresentada nesta espécie e com seu modo de reprodução, o qual pode ser apomítico ou sexual, e estar ou não associado a esse mecanismo de evolução.

Estudos de caracterização morfológica têm demonstrado que esta espécie é polimorfa, sendo proposto a separação da espécie em variedades (Doel, 1877; Parodi, 1948; Rosengurt et al., 1970) . Entretanto, de acordo com Canto-Dorow (1993), existem apenas duas variedades, a sexual diplóide, *P. notatum* var. *saurae* e a tetraplóide apomítica, *P. notatum* var. *notatum*.

O melhoramento desta espécie tem sido historicamente limitado à identificação de ecótipos superiores. Entretanto, a descoberta de acessos diplóides sexuais de *P. notatum* var. *saurae*, bem como a duplicação cromossômica da cultivar Pensacola e posterior cruzamento com acessos superiores, tem auxiliado no progresso de programas de melhoramento de *P. notatum*.

A caracterização morfológica é uma das formas mais tradicionais de caracterização de germoplasma. Geralmente, é um dos passos iniciais em um programa de melhoramento, pois permite conhecer o material e observar a diversidade existente. Associar estas características com a produção agrônômica e dados genéticos, obtidos por meio de marcadores moleculares, pode auxiliar na escolha de progenitores com características desejáveis e uma maior distância genética, resultando em um alto grau de heterose dos materiais formados. Isto, associado ao modo de reprodução apomítico, é de grande importância na fixação das características favoráveis à produção de forragem.

Estas análises morfológicas, agrônômicas e moleculares são

fundamentais no direcionamento dos próximos passos de um programa de melhoramento, pois utilizadas em conjunto podem permitir uma melhor caracterização e diferenciação de germoplasmas.

Baseado nestas considerações, o objetivo deste estudo foi caracterizar uma coleção de acessos de *P. notatum*, sob o ponto de vista morfológico, agronômico e molecular, além de determinar o nível de ploidia dos materiais, auxiliando com o programa de melhoramento da espécie do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia (DPFA) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O Gênero *Paspalum* L.

O gênero *Paspalum* (Poaceae: Panicoideae) é um dos mais importantes gêneros dentro da tribo Paniceae, devido ao elevado número de espécies que apresenta, a sua ampla distribuição geográfica e importância econômica de muitas delas. Em sua quase totalidade, são de origem americana e particularmente abundantes no Brasil, Paraguai, norte da Argentina e Uruguai (Barreto, 1974).

As diversas espécies do gênero ocorrem em praticamente todas as comunidades herbáceas de distintos ecossistemas do País, sendo dominantes e responsáveis pela produção da maior parte da forragem disponível (Canto-Dorow, 1993). No Rio Grande do Sul, as espécies do gênero *Paspalum* estão distribuídas em todas as regiões fisiográficas e são componentes obrigatórios de todas as formações campestres (Barreto, 1974).

De acordo com Valls & Pozzobon (1987), *Paspalum* é o gênero brasileiro com o maior número de espécies com bom valor forrageiro, o que torna importante a realização de uma investigação abrangente que possibilite as caracterizações taxonômica, morfológica e citogenética, além do conhecimento do modo de reprodução de cada acesso disponível das espécies

do gênero.

Este gênero vem sendo estudado há décadas quanto ao potencial agrônomo das espécies e a variabilidade genética, tanto ao nível citológico quanto morfológico, sendo notória a existência de distintos níveis de ploidia em algumas espécies com o modo de reprodução podendo estar associado a este fato (Valls & Pozzobon 1987; Pozzobon e Valls 1997).

As cultivares do gênero *Paspalum* são geralmente selecionadas baseadas em variabilidade genética natural, havendo necessidade de novas cultivares, assim como de hibridações intra e interespecíficas são desejáveis como meios de introgressão de genes. No entanto, diferenças no nível de ploidia entre os acessos e reprodução apomítica têm dificultado o desenvolvimento de novos híbridos (Adamowski, 2005).

A maioria das espécies de *Paspalum* são apomíticas tetraplóides, tendo co-específicos sexuais diplóides e auto-incompatíveis (Quarin & Normann, 1990). Do ponto de vista evolutivo, a ocorrência de apomixia e poliploidia nestas espécies fornecem bons modelos para investigação do papel evolutivo destes fenômenos (Moraes-Fernandes, 1971).

De grande interesse, principalmente para a área subtropical, o grupo Notata é composto de espécies diplóides, tetraplóides e hexaplóides, com ocorrência de apomixia e sexualidade, com várias espécies apresentando mais de um nível de ploidia (Valls & Pozzobon, 1987). No Rio Grande do Sul, o grupo Notata está representado por nove espécies, sendo que *P. notatum* e *P. pumilum* são as mais abundantes e as que apresentam a distribuição mais ampla (Canto-Dorow, 1993).

2.2 A Espécie *Paspalum notatum* Flügge

Paspalum notatum é uma gramínea rizomatosa nativa da América do Sul, sendo um importante componente das pastagens naturais da Argentina, sul do Brasil e Paraguai (Burton, 1948). A grande diversidade existente nos ecótipos sul-americanos sugere que a América seja o centro de origem da espécie (Burton, 1967).

P. notatum é frequente em todas as regiões fisiográficas do Rio Grande do Sul, contribuindo com grande expressividade para a cobertura dos campos naturais e é considerada a principal espécie do estrato herbáceo (Barreto, 1974). Segundo Pozzobon e Valls (1997), *P. notatum* é uma das espécies mais comuns deste gênero no sul do Brasil.

É utilizada como forrageira devido à boa qualidade, resistência ao pisoteio e crescimento favorecido pelo pastejo, sendo considerada por alguns autores como uma das forrageiras mais promissoras no Rio Grande do Sul (Barreto 1974; Canto-Dorow, 1993; Pozzobon e Valls, 1997).

P. notatum é classificada como uma espécie polimorfa, para a qual foram descritas três diferentes variedades, *P. notatum* var. *latiflorum* (Doel, 1877), *P. notatum* var. *saurae* (Parodi, 1948) e *P. notatum* var. *notatum* (Rosengurt e al., 1970). Entretanto, Barreto (1974) não aceitou delimitar a espécie nas variedades anteriormente descritas, por não encontrar caracteres fixos, dentro das diferentes variedades, mas aceitou *P. saurae* como uma espécie independente, conforme proposto por Parodi (1969). Posteriormente, Canto-Dorow (1993) propôs a existência de apenas duas variedades baseando-se no nível de ploidia, *P. notatum* var. *saurae* correspondente aos

acessos diplóides, e *P. notatum* var. *notatum* aos acessos tetraplóides.

P. notatum var. *saurae* (Pensacola) é nativa do leste da Argentina, onde é esparsamente distribuída nas Províncias de Santa Fé, Corrientes e Entre Rios (Burton, 1967). No Brasil, plantas diplóides nativas não têm sido encontradas (Pozzobon & Valls, 1997, Dahmer et al., 2008) e no Rio Grande do Sul está associada a ambientes modificados, provavelmente como escapes de cultivo da cultivar Pensacola (Canto-Dorow, 1993).

P. notatum var. *notatum*, tem seu centro de origem no sul do Brasil, norte da Argentina e Paraguai (Parodi, 1937). No Rio Grande do Sul, formas tetraplóides (muito provavelmente todas apomíticas) são predominantes (Pozzobon & Valls, 1997, Dahmer et al., 2008). Uma vez que a apomixia impede cruzamentos, o melhoramento das raças tetraplóides tem sido historicamente limitado à identificação e seleção de acessos superiores.

Daurélio et al. (2004) estudaram as variações genéticas e genotípica de três populações naturais de *Paspalum* do nordeste da Argentina, uma população natural de indivíduos diplóides sexuais e duas populações tetraplóides apomíticas, uma existindo em simpatria com a sexual e a outra em isolamento. A variação genotípica resultou em máxima para a população sexual, o que era esperado pelos autores, devido à espécie ser alógama e auto-incompatível. A população apomítica simpátrica apresentou valores de variação genotípica considerada intermediária, enquanto que a apomítica não simpátrica teve índices muito baixos, com todos os indivíduos considerados geneticamente idênticos. A partir da análise do agrupamento dos indivíduos, os autores demonstraram a formação de três grupos distintos em acordo com a

população a que pertencem, e que os dois grupos de tetraplóides são mais relacionados entre si do que com o grupo diplóide, sendo os valores da distância genética entre todos os tetraplóides menor que entre alguns dos diplóides.

A poliploidia notada em *P. notatum* é comum no gênero *Paspalum*, sendo a maioria das espécies tetraplóides e apomíticas. A poliploidia e apomixia são importantes mecanismos de evolução no gênero. A identificação de possíveis ecótipos diplóides silvestres em populações de *P. notatum* de outras regiões que não a de origem da Pensacola, abriria um leque de opções para pesquisa e utilização (Dahmer et al., 2008). No entanto, a escassez de uma coleção de germoplasma grande e bem caracterizado de genótipos tetraplóides apomíticos restringe as possibilidades de desenvolver programas de melhoramento genético adequado (Espinoza et al., 2006).

2.3 Citogenética em *Paspalum*

Praticamente todas as espécies de *Paspalum* têm números cromossômicos que são múltiplos de dez e por esta razão é suposto que este é o número básico para o gênero, mas a derivação de um número básico anterior de cinco não é excluída (Moraes-Fernandes, 1974). Segundo o mesmo autor, hibridização, alo e autopoliploidia acoplado com apomixia tem interagido na complexa via de formação destas espécies e formas de espécies de *Paspalum* no Rio Grande do Sul.

Diversos pesquisadores têm demonstrado que o nível tetraplóide é o mais comum nas espécies de *Paspalum*. De acordo com isto, pode-se citar o

estudo realizado por Adamowski (2005), onde dos 36 acessos de *Paspalum* analisados, um foi diplóide ($2n=2x=20$), 34 tetraplóides ($2n=4x=40$) e um hexaplóide ($2n=6x=60$). Em *P. nicorae*, todos os acessos analisados por Reis et al. (2008) foram tetraplóides ($n=20$, $2n=40$).

Para *P. notatum*, Pozzobon & Valls (1997) demonstraram que mais de 90% dos acessos tiveram $2n=4x=40$ cromossomos, e os demais $2n=2x=20$. Outro estudo realizado com 92 acessos da espécie *P. notatum* indicou que 83 acessos foram tetraplóides, com $2n=4x=40$. Os sete acessos de Pensacola, utilizados como testemunha, apresentaram $2n=2x=20$, um acesso coletado como *P. notatum* var. *notatum* apresentou $2n=2x=20$, possivelmente um escape de Pensacola, e um hexaplóide com $2n=6x=60$ (Dahmer et al., 2008).

Todos os acessos diplóides encontrados no Rio Grande do Sul até o momento foram considerados escapes da Pensacola, já que a mesma é cultivada no Estado, e os citótipos diplóides selvagens são mais provavelmente restritos a região específica da Argentina, onde a Pensacola tem origem (Pozzobon & Valls, 1997; Dahmer et al., 2008).

Análises do comportamento meiótico em *P. notatum* demonstram que as configurações do pareamento em diacinese são bastante variáveis, principalmente nos acessos tetraplóides, com uni, bi, tri e quadrivalentes, mas com alta frequência de tétrades normais (Dahmer et al., 2008). O mesmo é descrito para outras espécies do gênero (Adamowski 2005; Reis et al., 2008).

2.4 Modo de Reprodução em *Paspalum*

Duas estratégias de reprodução assexuada são comumente

encontradas em angiospermas: propagação vegetativa (onde as plantas se reproduzem através de estolões, rizomas, bulbos, bulbilhos ou brotos de raiz) e apomixia (onde as sementes são produzidas sem redução meiótica anterior e fusão de gametas) (Laspina et al., 2008).

A apomixia é um tipo de reprodução assexuada na qual ocorre a formação de sementes sem que ocorra fertilização e formação do embrião por via sexuada. Os indivíduos resultantes são geneticamente idênticos à planta que os originou. A reprodução assexuada permite a fixação do genótipo e a manutenção dos caracteres desejáveis. Devido à ausência de recombinação, mantém a presença de blocos gênicos, genes ligados e a contínua exploração da heterose, além de eliminar a necessidade de isolamento de plantas para a produção de sementes. No entanto, as plantas que se reproduzem exclusivamente por apomixia apresentam grandes dificuldades no melhoramento, pois este mecanismo impede a recombinação genética entre indivíduos com caracteres desejáveis, ficando altamente dependente de mutações para evidenciar variabilidade genética (Carvalho et al., 2008).

P. notatum tetraplóide apomítico é pseudogâmico, com fertilização efetiva dos dois núcleos polares e o desenvolvimento do endosperma ocorre independentemente da espécie ou do nível de ploidia do doador de pólen. No entanto, uma menor taxa de germinação das sementes é observada em cruzamentos interespecíficos, em comparação com autopolinização (Quarin, 1999).

Outro estudo realizado por Quarin et al. (1984) indicou que algumas plantas de *P. notatum* tetraplóide são apomíticas facultativas com uma

relativamente alta expressão de sexualidade, expandindo o seu uso num programa de hibridização como parental feminino, embora as formas apomíticas possam ser usadas como fonte de pólen.

Estudando o modo de reprodução em 18 acessos tetraplóides de *P. notatum* coletados na natureza, Espinoza et al. (2006) a partir de análises citoembriológicas, determinaram que todos os acessos são apomíticos obrigatórios ou facultativos, sendo a maioria facultativos com um grau variável de sexualidade residual, enquanto uns poucos acessos parecem ser apomíticos obrigatórios. Estes mesmos autores confirmaram que a apomixia em *P. notatum* é dominante, pois cruzando genótipos sexuais e apomíticos, estes, na geração F_1 , segregam para o modo de reprodução apomítico, e pela autopolinização das plantas sexuais F_1 produzem sempre sexuais F_2 . Além do mais, pela análise por testes de progênie dos genótipos apomíticos facultativos, foi demonstrado que estes recuperam 100% de plantas assexuais tetraplóides em *P. notatum*, indicando que existe uma forte seleção natural contra plantas tetraplóides sexuais nas populações naturais. Estes dados podem explicar a escassa ocorrência de indivíduos diplóides naturais em *P. notatum*.

A descoberta do potencial de poliploidização da colchicina possibilitou a obtenção de plantas tetraplóides sexuais em *P. notatum*, a partir de plantas diplóides da cultivar Pensacola, o que pode ser uma poderosa ferramenta no melhoramento dessa espécie. Quarín et al. (2001) induziram duplicação cromossômica por tratamentos com colchicina em uma população sexual diplóide natural de *P. notatum*, obtendo três plantas individuais. Através de estudos embriológicos, estes autores demonstraram que uma das plantas

autotetraplóides induzidas reproduz-se sexualmente, enquanto que os outros dois tetraplóides são apomíticos facultativos. Segundo os mesmos autores, estes dados indicam que um gene não expresso para apomixia existe ao nível diplóide e que a expressão da característica é dependente do nível de ploidia, que pode agir através de algum fator de transcrição ou via *locus* secundário que requer uma quantia de alelos para afetar a expressão dos muitos *locus*.

Com o objetivo de criar um material tetraplóide sexual de cruzamento compatível com espécies apomíticas tetraplóides de *Paspalum* grupo Plicatula, foram induzidos indivíduos tetraplóides sexuais a partir de sexuais diplóides em *P. plicatulum*. Duas plantas tetraplóides foram obtidas da germinação de sementes diplóides tratadas com colchicina. Por meio de análises embriológicas e testes de progênes usando marcadores moleculares, estas plantas demonstraram reproduzirem-se sexualmente. Além disso, estes tetraplóides sexuais são altamente incompatíveis, como os diplóides, mas produzem sementes após cruzamentos recíprocos e com pólen de *P. guenoarum* tetraplóide apomítico. Os resultados indicam que as duas plantas tetraplóides obtidas neste estudo constituem um importante material para o melhoramento de plantas de *P. plicatulum* tetraplóide apomítico e possivelmente outras espécies apomíticas do grupo Plicatula (Sartor et al., 2009).

2.5 Caracterização Morfológica em *Paspalum*

A caracterização morfológica é considerada um dos passos iniciais em estudos de caracterização de espécies e em programas de melhoramento.

Com o objetivo de conhecer o material que se deseja trabalhar e observar a diversidade existente, os próximos passos são associar estas características a condições ambientais e avaliações citológicas, agronômicas e genéticas.

P. notatum apresenta uma alta variabilidade morfológica, o que levou diferentes autores a estudar esta diversidade, a fim de caracterizar as diferentes formas desta espécie. Barreto (1974) destacou diferentes formas ocorrentes no Rio Grande do Sul, sem nível taxonômico definido, para *P. notatum*: Capivari (comum no litoral), a forma comum dos campos do Estado, a forma gigante (encontrada nos Campos de Cima da Serra e Planalto) e a forma Uruguaiana (ocorrente em toda a região da Campanha). Além disso, considerou como caracteres mais importantes para diferenciação das várias morfologias observadas o aspecto das plantas, vigor, dimensões e pilosidade das folhas, altura dos colmos floríferos, número e comprimento dos ramos da inflorescência, e dimensões e coloração das espiguetas.

Canto-Dorow (1993), ao avaliar diferentes acessos de *P. notatum* descreveu a existência de quatro biótipos. O biótipo A, caracteriza-se principalmente por apresentar lâminas foliares longas (maiores que 9,5 cm de comprimento) e largas (maiores que 5,0 mm de largura) e lema I com cinco nervuras. O biótipo B apresenta lâminas foliares longas e estreitas (menores que 5,0 mm), espiguetas estreitas (menores que 2,2 mm) e lema I com três nervuras. Neste último grupo estão inseridos os acessos diplóides. O biótipo C apresenta lâminas foliares glabras, curtas (menores que 9,5 cm de comprimento) e estreitas. No biótipo D estão inseridos os acessos com lâminas foliares pubescentes nas faces dorsal e/ou ventral, curtas e estreitas. Os

biótipos B e C foram considerados de ocorrência mais frequente. Neste mesmo estudo, os caracteres comprimento e largura da lâmina foliar, pilosidade da lâmina foliar, largura das espiguetas e número de nervuras do lema I foram considerados discriminatórios para os biótipos. Este mesmo autor considerou os diferentes tipos morfológicos de *P. notatum* como biótipos, pois foram observadas diferentes formas convivendo no mesmo ambiente, bem como formas semelhantes em ambientes diferentes que, quando cultivados sob as mesmas condições, mantêm suas características diferenciais.

Um conjunto de características vegetativas e reprodutivas foram avaliadas em 41 acessos de *P. notatum* por Steiner (2005), resultando na formação de seis grupos distintos, onde o comprimento dos racemos foi a característica que apresentou a maior contribuição relativa para a divergência genética, seguido pelo comprimento das espiguetas e largura e comprimento das lâminas foliares.

Cidade (2006) realizou um estudo combinado de dados morfológicos com moleculares. Os resultados não confirmaram totalmente os biótipos propostos por Canto-Dorow (1993) e as formas apresentadas por Barreto (1974), pois a variação morfológica existente na espécie é superior a relatada por estes autores, formando oito grupos de acessos. Os caracteres que mais contribuíram para a formação destes grupos foram: altura do colmo florífero, o comprimento e largura da lâmina foliar e comprimento dos ramos da inflorescência. Além do mais, não houve uma clara relação geográfica dos acessos estudados com os dados moleculares obtidos, nem uma separação definida entre acessos diplóides e tetraplóides, sugerindo não ser possível

desmembrar a espécie em variedades distintas.

Outras espécies do gênero *Paspalum* também apresentam grande variação morfológica, como é o caso de *P. nicorae* Parodi. Em uma análise com 53 acessos desta espécie, foi possível formar três grupos morfológicos distintos, formados basicamente pela variação no tamanho das folhas (Reis, 2008).

2.6 Avaliação Agronômica em *Paspalum*

Devido ao fato do germoplasma nativo de *P. notatum* ser predominantemente tetraplóide e mostrar características apomíticas, genótipos de elite podem ser selecionados através de avaliação agronômica visando uma boa produção de forragem dos acessos (Pozzobon & Valls 1997).

A cultivar Pensacola, oriunda de populações advindas da Argentina introduzidas acidentalmente nos Estados Unidos, foi cultivada em grande escala no Rio Grande do Sul, principalmente na região do Plantalto. Esta cultivar, sob o ponto de vista de produção e valor forrageiro, pode ser comparada com os biótipos nativos (Steiner, 2005).

Ao comparar dois acessos nativos de *P. notatum* com a cultivar Pensacola, Prates (1977) observou que os materiais nativos foram superiores à Pensacola em produção de matéria seca, proteína bruta total e matéria seca de raízes. Soares et al. (1986) avaliou seis biótipos nativos de *P. notatum* em três regiões do Estado, Vacaria, São Gabriel e Tupanciretã durante três anos, em comparação à Pensacola. Os teores de proteína bruta obtidos por estes autores para os biótipos nativos variaram de 12,08 a 12,88% e 11,56% para a

Pensacola em Vacaria. Em São Gabriel, os teores de proteína bruta variaram de 11,87 a 13,01% e a Pensacola apresentou 11,50%. Em Tupanciretã, a variação foi de 11,62 a 12,10%, enquanto a Pensacola apresentou teores de 10,28%.

P. notatum constituía cerca de 80% das pastagens cultivadas da Flórida (EUA), sendo sua maior utilização em pastagens permanentes (Mott & Moore, 1977). De acordo com Mislevi & Dunavin (1993), 85 a 90% da sua produção anual ocorre nos meses de primavera e verão.

Segundo Sinclair et al. (2001), sob o efeito de fotoperíodo estendido no inverno, a cultivar Pensacola apresentou um aumento na produção de forragem de 3,6 vezes, em comparação com outros tratamentos que não estabeleceram este mesmo efeito. Blount et al. (2001), estudando a resposta de acessos de *P. notatum* ao fotoperíodo, obtiveram resultados semelhantes. Estes estudos estão de acordo com Dall'Agnol & Gomes (1987), onde os autores sugerem que o maior determinante da diminuição da produção de forragem no inverno, em *P. notatum*, parece ser a dormência, induzida pela mudança no fotoperíodo.

Steiner (2005) avaliou a produção e a estacionalidade de produção de forragem de dois acessos de *P. guenoarum* (Azulão e Baio) e dois acessos de *P. notatum* (André da Rocha e Bagual), nativos no RS, em comparação com a cultivar Pensacola. As avaliações foram realizadas durante dois anos e demonstraram que as produções totais de matéria seca de folhas e matéria seca totais de *P. guenoarum* foram superiores às de *P. notatum*. No entanto, é importante ressaltar os acessos de *P. notatum*, Bagual e André da Rocha, que

apresentaram produções superiores e semelhantes a cultivar Pensacola, respectivamente. No primeiro ano, os valores da produção de matéria seca total chegaram a 18000 kg.ha⁻¹ para os acessos Azulão e Baio, Bagual com 14000 kg.ha⁻¹, André da Rocha e Pensacola com produções próximas a 9000 kg.ha⁻¹. No segundo ano, o acesso Azulão apresentou produções superiores a 11000 kg.ha⁻¹, e os demais acessos com produções próximas a 7000 kg.ha⁻¹. Com relação à estacionalidade de produção, um acesso de *P. guenoarum* apresentou maior produção de matéria seca no outono que os acessos de *P. notatum*, além de os dois acessos de *P. guenoarum* apresentarem menor crestamento por geadas que os de *P. notatum*, indicando uma maior tolerância ao frio. Segundo o mesmo autor, a análise bromatológica revelou teores de proteína bruta de 15,57% para a cultivar Pensacola, 15,36, 14,7, 14,49 e 14,26% para os acessos Bagual, Azulão, André da Rocha e Baio, respectivamente. Em relação ao teor de fibra em detergente neutro, os acessos apresentaram 68,78% (Azulão), 70,47% (André da Rocha), 70,55% (Baio), 70,6% (Bagual) e a cultivar Pensacola 70,64%. Para fibra em detergente ácido, foram encontrados teores de 38,07% (Pensacola), 39,11% (Bagual), 39,29% (André da Rocha), 40,35% (Azulão) e 43,24% (Baio).

Três espécies do gênero *Paspalum*, três genótipos de *P. urvillei*, dois de *P. guenoarum* e três de *P. notatum* foram avaliadas agronomicamente em duas estações de crescimento, na primavera e verão de 2005-2006 e 2006-2007 por Sawasato (2007). A partir deste estudo, o autor encontrou produções superiores a 14000 kg.ha⁻¹ de matéria seca total para os genótipos de *P. urvillei* e *P. guenoarum*, enquanto que *P. notatum* produziu entre 9000 (Pensacola),

10000 (André da Rocha) e 12000 (Bagual) kg.ha⁻¹ de matéria seca total no primeiro ano de avaliação. A avaliação no segundo ano mostrou a tendência de bons níveis de produção de *P. notatum*, 7000 (Pensacola), 9000 (André da Rocha) e 10000 (Bagual) kg.ha⁻¹, e *P. guenoarum*, 10000 (Azulão) e 7000 kg.ha⁻¹ (Baio), enquanto que *P. urvillei* teve um decréscimo de produção, atingindo 3000 kg.ha⁻¹. Além do mais, este estudo demonstrou que a espécie *P. guenoarum* apresenta uma boa distribuição da produção abrangendo épocas de menores temperaturas, e que as espécies *P. guenoarum* e *P. notatum* tiveram boa persistência, sobrevivendo ao inverno do sul do Brasil.

Em outro estudo realizado com *P. urvillei*, este apresentou um máximo de 70 afilhos por planta, sendo 60% basilares. A área foliar atingiu até 7066 cm².planta⁻¹, com 250 folhas verdes/planta e altura mantendo-se em 50 cm. O florescimento foi precoce e longo, o que necessita de manejo, a fim de encurtar tal estágio e prolongar o período de produção de folhas (Scheffer-Basso et al., 2002).

Townsend (2008), comparando os biótipos Azulão e Baio (*P. guenoarum*), André da Rocha e Bagual (*P. notatum*) e *P. lividum*, submetidos à fertilização nitrogenada de 0, 60, 180 e 360 kg.ha.ano⁻¹, determinou que os biótipos de hábito rizomatoso (*P. notatum*) e cespitoso (*P. guenoarum*) foram mais produtivos que os biótipos de hábito estolonífero (*P. lividum*). Com exceção de *P. lividum*, que apresentou resposta quadrática à aplicação de nitrogênio para a produção de fitomassa aérea, com máximo em torno de 350 kg.ha.ano⁻¹ de N, todos os demais apresentaram resposta linear até a dose testada de 360 kg.ha.ano⁻¹, sendo estas respostas mais evidentes após o

primeiro ano. A partir destas avaliações, foi também possível identificar uma resposta mais pronunciada à fertilização em *P. notatum*, bem como uma menor estacionalidade de produção do biótipo Azulão, o qual manteve elevada produção no outono.

A cultivar Pensacola é uma das poucas alternativas de espécie cultivada de verão disponível por sementes. Entretanto, é importante ressaltar que praticamente todos os estudos realizados com a espécie *P. notatum* em comparação com a Pensacola, demonstram que os acessos nativos apresentam produções de matéria seca superiores a esta cultivar, apontando para a necessidade de explorar o potencial produtivo destes materiais nativos.

Pereira et al. (2008), avaliaram a produção de duas espécies nativas de *Paspalum*, *P. guenoarum*, acessos Azulão e Baio, e *P. notatum*, André da Rocha e Bagual, sob diferentes níveis de nitrogênio e consorciado com leguminosas. A partir deste estudo, os autores demonstraram que o acesso Azulão apresentou maior produção de matéria seca de folhas e total, independentemente do nível de nitrogênio aplicado. Além disso, os tratamentos consorciados com leguminosas foram semelhantes ao emprego de 360 kg.ha⁻¹.

Outras espécies de *Paspalum* também têm sido avaliadas quanto ao potencial agrônomo de seus acessos. Em *P. paniculatum*, a análise do desenvolvimento morfológico demonstrou ser de médio porte (50 cm), clonal, com caules aéreos do tipo colmo, semi-erectos e os subterrâneos do tipo rizomas, com afilhos reprodutivos com mais de 100 cm de comprimento. A massa seca aérea na época do florescimento foi composta por colmos e folhas, numa relação 15,91%, totalizando 44,97% da massa seca na parte

subterrânea, folhas 21,89%, colmos 26,32% e inflorescências 6,83%. Os autores sugerem que essa expressiva alocação de massa seca na parte subterrânea pode indicar resistência ao pastejo e às condições climáticas adversas, além de possível aptidão para revegetação de áreas sujeitas à erosão (Baréa et al., 2006).

Quanto ao desenvolvimento morfológico de *P. dilatatum* biótipo Virassoro, este se caracterizou pela arquitetura caulinar, florescimento precoce e longo, estabilização do afilhamento no outono e inverno, com retomada do crescimento a partir da primavera, além de ser considerado tipicamente estival, com excelente tolerância à geada, vegetando vigorosamente com o aumento das temperaturas (Costa & Scheffer-Basso, 2003). A maior disponibilidade de massa seca ocorreu na primavera/verão (98g MS.planta⁻¹), bem como os maiores teores de proteína bruta nas folhas (19,09%), fibra em detergente ácido (43%) e fibra em detergente neutro (62%) (Costa et al., 2003). Na produção de matéria seca, composição química e persistência em condições de campo avaliado em diferentes alturas (10 e 20 cm) e intervalos de corte (30 e 45 dias), o biótipo Virassoro não apresentou diferenças entre as alturas e intervalos de corte e nem mesmo entre as estações (primavera e verão) nos cortes a 10 cm, produzindo 997 g MS.linha⁻¹. Entretanto, na altura de 20 cm, a produção de matéria seca foi maior no verão (938 g MS/linha) quando comparado à primavera (761 g MS.linha⁻¹), e houve interação entre a produção de massa seca e altura de corte. No outono, a produção apresentou-se muito baixa (125 g MS.linha⁻¹). A produção de folhas aumentou sob cortes freqüentes (30 dias) e intensos (10 cm). Além disso, nos cortes feitos a intervalos de 30

dias, o biótipo Virassoro apresentou maior teor de PB (14,7%) e menores teores de FDA (43,8%) e FDN (67,8%). Os cortes não evitaram o florescimento precoce, intenso e contínuo das plantas, que alocaram em média 27% de MS de folhas e 68% em caules + inflorescências (Baréa et al., 2007).

Analisando uma população de *P. plicatulum*, Scheffer-Basso & Gallo (2008) encontraram valores de 11 a 22% de proteína bruta, 39 a 46% de fibra em detergente ácido e 55 a 66% de fibra em detergente neutro. Além disso, os autores salientam boa tolerância à seca estival e produção de matéria seca durante a primavera-verão-outono, apresentando elevado potencial de afilhamento (105.planta⁻¹), touceiras compactas (circunferência 53 cm) com brotações basais e hábito cespitoso.

2.7 Marcadores Moleculares em *Paspalum*

As análises de diversidade entre e dentro das populações, e a caracterização genética de germoplasma de elite são requisitos fundamentais para o sucesso de um programa de melhoramento (Espinoza et al., 2006). Segundo Ferreira & Grattapaglia (1998), marcadores moleculares apresentam vantagens sobre os marcadores morfológicos pois geralmente são neutros em relação aos efeitos fenotípicos e o nível de polimorfismo para cada *loci* estudado é geralmente alto, além disso, facilitam a construção de mapas genéticos, pois a fonte de polimorfismo molecular em populações segregantes é teoricamente ilimitada.

Diferentes tipos de marcadores têm sido utilizados para caracterização de germoplasma e em estimativas de diversidade genética. Os

diversos tipos de marcadores moleculares diferenciam-se pela tecnologia utilizada, pela habilidade de detectar diferenças entre indivíduos, custo, facilidade de uso, consistência e reprodutibilidade. Entre os métodos mais utilizados em plantas, encontram-se os marcadores microssatélites ou polimorfismo de seqüências simples repetidas (SSR), o polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados (AFLP), o polimorfismo de DNA amplificado ao acaso (RAPD) e, mais recentemente, os marcadores baseados na variação de interseqüências simples repetidas (ISSR) (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

Os microssatélites são pequenas seqüências de um a seis nucleotídeos de comprimento, repetidas em *tandem* ao longo da molécula de DNA, estando presente no genoma de eucariotos e procariotos (Tóth et al., 2000). Estas seqüências estão sujeitas a elevadas taxas de mutação, sendo manifestadas principalmente através de alterações no número de repetições das seqüências motivos dos SSR (Li et al., 2002).

Os SSR possuem expressão co-dominante, são somaticamente estáveis, multialélicos e altamente reprodutíveis. A elevada variabilidade entre os organismos relacionados faz com que estes marcadores sejam altamente informativos, possuindo o mais elevado conteúdo de informação de polimorfismo (*PIC, Polymorphism Information Content*) e sejam ideais para serem utilizados no mapeamento genético e físico de genomas, identificação e discriminação de genótipos, testes de paternidade e seleção assistida por marcadores (Faleiro, 2007).

A limitação desta técnica está na necessidade da utilização de

primers específicos para cada espécie, contendo as sequências que flanqueiam os SSR. No entanto, *primers* de espécies geneticamente relacionadas também podem fornecer bons resultados. Neste sentido, pode-se citar a utilização de *primers* desenvolvidos para trigo, milho e sorgo em *P. vaginatum*, obtendo uma taxa de transferência média de SSR de 61% entre as espécies (Wang et al., 2006). Além disso, estes mesmos *primers* discriminaram 64 acessos de *P. urvillei*, com a formação de sete grupos (Sawasato et al., 2008).

Diante da grande diversidade morfológica exibida pela espécie *P. notatum*, alguns estudos com marcadores moleculares visando a caracterização e análise da diversidade genética de diferentes acessos da espécie podem ser destacados. Steiner (2005), utilizando marcadores RAPD, analisou 40 acessos de várias partes do Brasil, principalmente do Rio Grande do Sul. Os níveis de similaridade genética entre os acessos de *P. notatum* foram baixos, com similaridade média de 0,26 (Índice de Jaccard), variando de 0 a 0,80, revelando altos índices de variabilidade genética entre os acessos para os *primers* testados neste trabalho. Os acessos estudados foram reunidos em sete grupos distintos, os quais podem favorecer a seleção de genótipos para a formação de novas cultivares.

O uso de marcadores ISSR para um total de 95 acessos de *P. notatum* revelou um amplo polimorfismo, com apenas 2,2% dos fragmentos sendo monomórficos em todos os acessos. Neste estudo, o coeficiente de similaridade de Jaccard é considerado baixo, com uma média de 0,59, variando de 0,43 a 0,97. Os dados obtidos com estes marcadores indicam que há uma

grande variação genética entre os acessos, embora a diversificação da espécie seja recente e sua forma mais comum de reprodução é apomítica (Cidade et al., 2008).

A partir de marcadores AFLP, 42 acessos de *P. notatum* mostraram uma distância genética de 0,36 (Espinoza et al., 2006). Além disso, os autores detectaram 11 fragmentos de DNA presentes em plantas apomíticas e que estavam ausentes nas sexuais, os quais podem estar ligados a regiões genômicas envolvidas no controle da apomixia.

Com o objetivo de analisar a presença de dois marcadores moleculares de RAPD ligados a apomixia em *P. notatum*, Martinez & Quarín (2000) demonstraram que os fragmentos de DNA ligados à apomixia foram amplificadas em todos os genótipos apomíticos e estiveram ausentes nos indivíduos sexuais, independente do número cromossômico de cada genótipo. Os autores reforçam que o descobrimento das regiões genômicas específicas em *P. notatum* abre a possibilidade futura de poder utilizar tais marcadores na seleção e melhoramento forrageiro dentro do gênero.

Espinoza et al. (2002) avaliaram o efeito do período de polinização na proporção de indivíduos sexualmente formados nas progênes de um genótipo apomítico facultativo de *P. notatum* de acordo com o período em que foi realizada a polinização (1-3 dias antes da antese, durante a antese e 2, 4 e 6 dias após a antese), por meio de marcadores RAPD. Os resultados indicaram que a polinização durante a antese possui um maior potencial para a sexualidade com 20% da progênie produzida sexualmente, e 3,4% na pré-antese. Após a antese, apenas plantas apomíticas foram formadas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Utilizado

Foram utilizados 25 acessos de *P. notatum*, na forma de sementes, provenientes do *United States Department of Agriculture* (USDA), coletados em diferentes locais do Sul do Brasil, Argentina, Uruguai e Paraguai, durante as décadas de 1950 a 1970 (Tabela 1). Em abril de 2008, cerca de 30 sementes de cada acesso foram colocadas para germinar em bandejas de isopor de 200 células (2cmX2cmX6cm) com substrato comercial e mantidas em casa de vegetação, no Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia (DPFA) da Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), localizada no município de Porto Alegre – RS. Posteriormente, foi realizado o transplante desse material e a clonagem de 27 acessos de uma coleção mantida na casa de vegetação do DPFA da UFRGS, coletados em diferentes locais do Rio Grande do Sul, São Paulo, Uruguai e Argentina. Foram feitos clones também de dois acessos de *P. guenoarum*, Azulão e Baio, além da cultivar Pensacola, que foi utilizada como testemunha. Todas as plantas obtidas foram mantidas em vasos com substrato comercial em casa de vegetação até o plantio das mudas no campo, sendo periodicamente irrigadas e adubadas.

3.2 Avaliação Agronômica

Em 8 de outubro de 2008, o experimento foi estabelecido com mudas, na Estação Experimental Agronômica (EEA) da UFRGS, localizada no Município de Eldorado do Sul – RS, totalizando 55 acessos (25 do USDA, 27 do DPFA, Azulão, Baio e Pensacola) (Tabela1). O delineamento experimental utilizado foi completamente casualizado com cinco repetições e as plantas espaçadas 1m entre si. A disposição das plantas formou dez linhas com 28 plantas cada, totalizando 280m² de área experimental (Figura 1 A-B).

A EEA está localizada na região fisiográfica da Depressão Central, cujo clima da região é do tipo Cfa, subtropical úmido com verão quente, segundo a classificação de Köppen. As temperaturas médias mensais do ar variam de 9 a 25° C, sendo que os meses mais quentes são janeiro e fevereiro, e os meses mais frios junho e julho. Considerando dados de 30 anos (1970-2000), a média total anual de precipitação é de 1466 mm, enquanto que a média mensal é de 125 mm. O solo da unidade experimental pertence à Unidade de Mapeamento São Jerônimo, classificado como Argissolo Vermelho distrófico – Pvd (Streck et al., 2002).

Previamente à instalação do experimento, foi realizada uma adubação de base satisfazendo as condições mínimas para fósforo e potássio segundo recomendações, de acordo com a análise de solo feita para a área. Posteriormente, foram realizadas adubações em cobertura em doses fracionadas de nitrogênio após o plantio e cada um dos cortes realizados, sob a forma de uréia. A área foi irrigada por meio de aspersores, a fim de evitar déficit hídrico no período de avaliação.

TABELA 1: Identificação e local de coleta dos acessos de *Paspalum notatum* e *P. guenoarum*. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Espécie	Acesso	Identificação	Local de coleta
<i>P. notatum</i>	Pensacola	MD s/n	Viamão/RS - Brasil
	VAndré da Rocha	MD, CN s/n	André da Rocha/RS – Brasil
	VBagual	MD, CN s/n	Missões/RS – Brasil
	13N	PI404473	Vacaria/RS - Brasil
	16N	PI276251	Montevideu - Uruguai
	17N	PI214118	RS – Brasil
	20N	PI508826	Guaíba/RS – Brasil
	30N	PI508833	Santa Fé – Argentina
	33N	PI310169	Guaíba/RS – Brasil
	36N	PI508834	Santa Fé – Argentina
	37N	PI404861	Santa Lúcia – Uruguai
	48N	PI508838	Mercedes – Argentina
	49N	PI310168	Guaíba/RS – Brasil
	51N	PI337566	Santa Fé – Argentina
	66N	PI508832	Santa Fé – Argentina
	67N	PI337573	Santa Fé – Argentina
	69N	PI404866	Rio Negro – Uruguai
	70N	PI508828	Cordoba – Argentina
	71N	PI310145	Montenegro/RS – Brasil
	73N	PI241878	Nova Ovinhos/SP – Brasil
	79N	PI508840	Corrientes – Argentina
	80N	PI310170	Guaíba/RS – Brasil
	83N	PI508827	Corrientes – Argentina
	87N	PI404863	Paysandu – Uruguai
	89N	PI404865	Tacuarembó – Uruguai
	92N	PI508831	Santa Fé – Argentina
	93N	PI404476	Bom Jesus/RS – Brasil
	95N	PI424652	Corrientes – Argentina
	V2	Valls14244	Uruguiana/RS – Brasil
	V4	Valls14310	Barra do Quaraí/RS – Brasil
	V5	Valls14326	Capivari do Sul/RS – Brasil
	V9	Valls14783	Vale do Sol/RS – Brasil
	V10	Valls14827	Candói/RS – Brasil
	V12	Valls14829	Candói/RS – Brasil
	V13	Valls14865	Capivari do Sul/RS – Brasil
	V23	MD s/n	Eldorado do Sul/RS – Brasil
	V24	MD s/n	Eldorado do Sul/RS – Brasil
	V26	MD s/n	Lavras do Sul/RS – Brasil
	V27	MD s/n	Lavras do Sul/RS – Brasil
	V29	MD s/n	Caçapava do Sul/RS – Brasil
	V30	MD s/n	Bagé/RS – Brasil
	V31	MD s/n	André da Rocha/RS – Brasil
	V32	MD s/n	Barretos/SP – Brasil
V35	MD s/n	São Borja/RS – Brasil	
V41	CN s/n	Arapeí 06 – Argentina	
V42	CN s/n	Arapeí 07 – Argentina	
V47	CN s/n	Arapeí 12 – Argentina	
V49	MD s/n	Mostardas/RS - Brasil	
V50	CN s/n	Piracicaba/SP – Brasil	
V51	MD s/n	Possadas – Argentina	
V66	MD s/n	Uruguai	
V67	MD s/n	Uruguai	
V69	MD s/n	São José do Hortênsio/RS –Brasil	

Tabela 1. Continuação... Identificação e local de coleta dos acessos de *Paspalum notatum* e *P. guenoarum*. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Espécie	Acesso	Identificação	Local de Coleta
<i>P. guenoarum</i>	Azulão	MD s/n	EEA – Eldorado do Sul/RS
	Baio	MD s/n	EEA – Eldorado do Sul/RS

Acessos seguidos da letra N são provenientes do USDA.

Acessos precedidos pela letra V são provenientes do DPFA.



FIGURA 1. Visão geral da área experimental na EEA em Eldorado do Sul/RS. A- Foto tirada em outubro de 2008. B- Foto tirada em novembro de 2009. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

3.3 Caracterização Morfológica

A caracterização morfológica foi realizada no estágio de florescimento pleno, no mês de janeiro de 2009, visando uma padronização da

avaliação. As medidas foram obtidas para os 53 acessos de *P. notatum*.

Foram avaliadas, em cada um dos acessos, as características descritas na Tabela 2. As medidas referentes às bainhas e lâminas foliares foram realizadas na primeira folha abaixo da folha bandeira, objetivando uma comparação padronizada entre os acessos.

TABELA 2. Características morfológicas avaliadas nos diferentes acessos e forma de avaliação. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Característica		Forma de avaliação
Bainha	Comprimento (BC)	cm (régua)
	Largura (BL)	cm (régua)
	Coloração (BCr)	Notas visuais (1- esverdeada; 2- violácea)
Folha	Pilosidade (BP)	Notas visuais (1- pilosa; 2- glabra)
	Comprimento (FC)	cm (régua)
	Largura (FL)	cm (régua)
	Angulação Inserção (FAI)	graus (transferidor)
	Cor da Nervura Central (FCNC)	Notas visuais (1- esbranquiçada; 2- esverdeada)
Inflorescências	Pilosidade (FP)	Notas visuais (1- pilosa; 2- glabra)
	Número racemos (INR)	Número (2; 3)
	Comprimento Racemos (ICR)	cm (régua)
	Angulação Racemos (IAR)	graus (transferidor)
Hastes Floríferas	Altura (HFA)	cm (régua)
Hábito da Planta	(HP)	Notas visuais (1- ereto; 2- intermediário; 3- prostrado)

As variáveis avaliadas foram submetidas à análise estatística pelo Programa Genes (Cruz, 2007), sendo os dados analisados pelo procedimento de análise multivariada, objetivando obter informações sobre a importância relativa dos caracteres avaliados e o grau de dissimilaridade genética entre os acessos na coleção. Para isso, foi gerada uma matriz de dissimilaridade pela distância de Mahalanobis, a qual padroniza os dados para estimar a variância. A importância relativa dos caracteres foi obtida pelo método de Singh (1981), a

partir das médias não padronizadas. A partir da matriz de dissimilaridade, foi procedido o método de agrupamento hierárquico de Tocher, de tal forma que existisse homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Também foi realizada análise de variância (ANOVA) para cada característica avaliada, por meio do mesmo programa estatístico.

3.4 Produção de Matéria Seca e Análise da Persistência

As avaliações foram realizadas em 20 de janeiro, 6 de março, 22 de setembro, 16 de novembro e 15 de dezembro de 2009 para todos os acessos (Tabela 1), respeitando o período de crescimento da espécie. A avaliação prevista para o mês de abril de 2009 foi perdida, devido à entrada de animais na área experimental. Em 15 de julho, foi realizada uma avaliação apenas para os acessos de *P. guenoarum*, Azulão e Baio, pois esta espécie apresentou um bom crescimento neste período em função da tolerância ao frio.

As avaliações foram feitas cortando-se todas as plantas, quando as mesmas apresentavam cerca de 20 cm de altura; a 5 cm do solo para os acessos de *P. notatum* e a 10 cm do solo para *P. guenoarum*. Cada planta individual foi considerada uma amostra, a qual foi separada nos seguintes componentes: lâminas foliares, colmos+bainhas+inflorescências, material morto e outras espécies. Após essa separação, o material foi seco em estufa com ar forçado a 60° C até peso constante. As amostras foram então pesadas em balança de precisão, obtendo-se os valores da produção de matéria seca de folhas (MSF) e matéria seca total (MSF + matéria seca de colmos (MSC)), por planta, para cada um dos diferentes acessos.

Os dados da produção de cada corte, bem como a produção em cada período avaliado e o total das avaliações foram submetidos à análise estatística de variância (ANOVA, 5%) e as médias comparadas entre si pelo teste de Scott & Knott, 5%, com o auxílio do Programa Genes (Cruz, 2007).

Em 16 de setembro de 2009, os acessos foram analisados para a avaliação da persistência. Todas as plantas foram avaliadas por meio de notas visuais, atribuindo-se valor 1 para as plantas que estavam vivas e 0 para as que haviam morrido. Após, foi criada uma matriz, e os dados submetidos à análise de variância (ANOVA, 5%), com o auxílio do Programa Genes (Cruz, 2007) e as médias comparadas entre si pelo teste de Scott & Knott, 5%.

3.5 Análise Molecular

A extração do DNA genômico e a análise molecular foram realizadas no Laboratório de Análise Genética (LAG) do DPFA da Faculdade de Agronomia da UFRGS. A caracterização molecular foi realizada para os 53 acessos de *P. notatum* relacionados na Tabela 1, com o auxílio de marcadores microssatélites (SSR).

O material foliar foi coletado do experimento a campo e levado em caixa de isopor com gelo até o LAG para posterior extração. Cada amostra foi constituída pela mistura (*bulk*) de folhas jovens e sadias das cinco plantas de cada acesso. A extração do DNA foi realizada segundo a metodologia descrita por Ferreira & Grattapaglia (1998) com modificações, conforme descrita a seguir.

Cerca de 200 µg de folha foi depositado em tubos de *ependorf* de

1,5 mL e macerado em nitrogênio líquido. Ao material macerado foi adicionado 650 µL de tampão de extração CTAB (2% de CTAB, 1,4 mol de NaCl, 20 mmol de EDTA e 10 mmol de Tris base pH 8,0) previamente aquecido a 65° C, 14 µL de β-mercaptoetanol, 10 µL de proteinase K e 1% de PVP. O material macerado foi suspenso no tampão de extração com o auxílio de um agitador de tubos vórtex. As amostras foram levadas em banho-maria 65° C, onde permaneceram por 30 minutos, e após foram resfriadas no agitador por 30 minutos. Após, foram adicionados 650 µL de clorofórmio isoamílico (24 clorofórmio:1 álcool isoamílico), sendo as amostras novamente levadas ao agitador por 30 minutos. A suspensão foi então centrifugada por 15 minutos a 13.000 rotações por minuto (rpm), retirado o sobrenadante, transferido para um novo *ependorf* e adicionado ao volume de DNA o mesmo volume de isopropanol gelado. Essa solução foi mantida a 4° C durante uma noite. No dia seguinte, os tubos foram centrifugados 13.000 rpm por 10 minutos, descartado o sobrenadante, acrescentado 500 µL da solução de lavagem (76% de etanol e 10 mmol de acetato de amônio) por 10 minutos e levados à centrifugação à 13.000 rpm por cinco minutos. Esse procedimento foi repetido, após, descartado o sobrenadante e os tubos foram mantidos invertidos para secagem dos *pellets* de DNA. Após a secagem, os *pellets* foram ressuspensos em 100 µL de TE pH 7,4 (10 mmol de Tris base pH 8,0 e 1 mmol de EDTA), sendo as amostras levadas ao banho-maria a 65° C por cinco minutos, reprecipitado com 50 µL de 7,5 mol de acetato de amônio e 375 µL de etanol absoluto. As amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 13.000 rpm, descartado o sobrenadante e os tubos foram mantidos até secagem completa do *pellet* e

ressuspenso em 50 µL de TE pH 7,4. Os tubos foram mantidos por 24 h a 4° C e posteriormente armazenados a -18° C.

O DNA das amostras foi quantificado por meio do espectrofotômetro Qubit™ fluorometer, da Invitrogen® e posteriormente uma alíquota de cada amostra foi diluída em TE pH 7,4 a uma concentração de 20 ng/µL, constituindo a solução de trabalho das amostras.

As reações da polimerase em cadeia (PCR) foram realizadas em um volume final de 15 µL, compostos por 2 µL da solução de trabalho de DNA (20ng/µL), 1,5 µL de tampão PCR 10X, 1 µL de MgCl₂ (50mM), 0,6 µL de 10mM de dNTP mix contendo 2,5mM de cada um dos quatro nucleotídeos (dATP, dTTP, dCTP, dGTP), 1,2 µL de *primer forward* (10 µmol), 1,2 µL do *primer reverse* (10 µmol), 0,3 µL de *Taq* DNA polimerase Qiagen (5 U/µL) e água miliQ esterilizada para completar o volume.

Neste trabalho, foram testados 11 *primers* de acordo com trabalhos anteriormente realizados com *Lolium multiflorum* L. (Kubik et al., 2001), *Paspalum vaginatum* Sw. (Wang et al., 2006), *Trifolium repens* L. (Kölliker et al., 2001) e *Paspalum urvillei* St. (Sawasato et al., 2008) (Tabela 3).

As condições de amplificação de SSR foram baseadas em Wang et al. (2006), descrito a seguir: desnaturação a 94° C por 4 min, (primeiros 10 ciclos) 94° C por 1 min, 50° C por 30s, 72° C por 40s. A cada ciclo há incremento de 0,5° C na temperatura de anelamento. Nos 35 ciclos posteriores, 94° C por 1 min, 45° C por 30s, 72° C por 40s e por fim extensão a 72° C por 10 min e estoque a 4° C.

Os fragmentos amplificados foram visualizados em gel de agarose

4% corado com 0,08 $\mu\text{L/mL}$ de brometo de etídio (10 mg/mL), submerso em tampão TBE 1X a uma corrente de 100 V por duas horas. Após a eletroforese, os géis foram visualizados em um transiluminador de luz ultravioleta (comprimento de onda de 260 nm) e fotografado para que os fragmentos das amostras fossem determinados por comparação a um padrão de 100 pares de bases (pb), por meio do programa Kodak EDAS 290 (*Electrophoresis Documentation and Analysis System*). Dos 11 *primers* testados, oito foram utilizados para análise de diversidade genética entre os acessos, por apresentarem boa amplificação dos fragmentos de DNA.

TABELA 3. *Primers* de microssatélites utilizados na amplificação de 53 acessos de *Paspalum notatum*. UFRGS, Porto Alegre, RS, 2010.

<i>Primer</i>	Sequência F (5' – 3') Sequência R (3' – 5')
Pv-3	TATGGACCGACTGCATGATTCTT CTTACGGAGAGTGGATCGATG
*Pv-11	AGGTTTGTAGGTTGGGTGCAACTGA TAATGGGAGGCGGCGGGTT
Pv-35	TCGAAATCGAAAAAGAAGATCGTTC GATTGGAACATCGACCGCGG
Pv-51	TCCCATCATCAGTTCTTCCAATC TTCTACTACTTATTATCGTGTCCCG
*Pv-53	CTCGGAAACCGCAGCTCA ACTTATCTCCTCCGCCTCG
*M4-213	CACCTCCCGCTGCATGGCATGT GGAAGTGTACAGAACAT
*M15-185	GGTCTGGTAGACATGCCTAC CTTGGACGGACACGACCAT
*M16-B	TGCTGTGGCTCTTGTGAC AGCTCGACTCGGAGCCGA
M4-136	AGAGACCATCACCAAGCC GTTCCTTTAGAAGAAGGTCT
*M2-148	GCAACTTCTATCGAGTTG AGGCACTTCTAGCTCGGAG
*M12-52	CTACAATGCATTCTGTGCA TCCCGCGCCACGGAGAT

**Primers* que foram utilizados na análise de divergência dos acessos.

Por fim, foi construída uma matriz binária dos dados, onde foi atribuído o valor um para a presença e zero para a ausência de fragmentos de

DNA. A partir dessa matriz, com o auxílio do programa “*Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*” NTSYSpc versão 2.1 (Rohlf, 2000) e utilizando o coeficiente de Jaccard, foi gerada uma matriz de similaridade comparando todos os genótipos.

Uma análise de agrupamento foi realizada utilizando o módulo SAHN do NTSYS e o método da média das distâncias (UPGMA, *Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*) assim construído um dendrograma de similaridade genética entre os genótipos.

Foi calculado o número de alelos por loco (A), as frequências genóticas e alélicas e o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) para cada loco ($PIC = 1 - \sum p_i^2$, onde p_i é a frequência do alelo i). O PIC fornece uma estimativa do poder discriminativo do marcador, variando de zero, para perfis monomórficos, até um para perfis altamente polimórficos.

3.6 Determinação do Nível de Ploidia

O nível de ploidia foi determinado para os 25 acessos de *P. notatum* provenientes do USDA (Tabela 1). O número cromossômico dos demais acessos avaliados neste trabalho foi previamente determinado por Dahmer et al. (2008).

A determinação do nível de ploidia foi realizada a partir do número cromossômico gamético, a partir de células mãe de pólen (CMP), analisadas em inflorescências jovens coletadas diretamente das plantas do experimento à campo. A coleta foi realizada em janeiro de 2010, sendo coletadas, de duas plantas aleatórias de cada acesso, inflorescências que ainda se encontravam

totalmente envolta pela folha bandeira. As inflorescências foram fixadas em Carnoy 3:1 (etanol: ácido acético) por 24 horas em temperatura ambiente (20 – 25° C) e após estocadas em álcool 70% a 4° C até a análise.

As lâminas foram preparadas isolando-se as anteras com auxílio de agulhas histológicas sob a lupa e posterior maceração das mesmas com uma gota de carmim propiônico 1% (Pagliarini et al., 2002; Simioni & Valle, 2009). Para análise das células, foi utilizado microscópio óptico com sistema de captação de imagem.

Cerca de dez células por acesso foram examinadas, sendo o número cromossômico gamético contado durante as fases de diacinese/metáfase I e anáfase I da meiose, quando as mesmas apresentavam os cromossomos visíveis e adequadamente espalhados, sendo as melhores células captadas digitalmente. O nível de ploidia foi determinado levando em consideração $x=10$ cromossomos, descrito como número básico para o gênero (Moraes-Fernandes, 1974).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Caracterização Morfológica

Os valores médios e os desvios-padrões das características morfológicas avaliadas dos acessos encontram-se descritos na Tabela 4.

Com relação às bainhas foliares, o maior comprimento observado foi de 13,7 cm ($s= 1,9$), no acesso 83N, procedente de Corrientes, Argentina, enquanto que o menor valor, 3,6 cm ($s= 0,5$), para o acesso V47, de Arapei, Argentina. A largura das bainhas foliares variou de 1,3 cm ($s= 0,1$) no acesso 73N (Nova Ovinhos, SP) a 0,4 ($s= 0$) em 87N (Paysandu, Uruguai). Diversos acessos apresentaram coloração das bainhas violácea nas três plantas analisadas ($m= 2,0$, $s= 0$), Bagual, 36N, 49N, 66N, 67N, 89N, 93N, 95N, V10, V12, V23, V26, V27 e V66, assim como apenas coloração verde foi observada nos acessos 17N, 20N, 30N, 33N, 69N, 70N, 71N, 79N, 87N, V5, V9, V13, V24, V31, V35, V42, V47, V49, V50, V51, V69 ($m= 1$, $s= 0$), e os demais acessos apresentaram variação para esta característica. Todos os acessos apresentaram bainhas glabras ($m= 2$, $s= 0$), com exceção do V49, que apresentou bainhas completamente pilosas ($m= 1$, $s= 0$) e do V50, que apresentou variação nas plantas analisadas ($m= 1,3$, $s= 0,6$).

Para as lâminas foliares, o maior comprimento foi apresentado pelo

acesso 92N (Santa Fé, Argentina), com 24,6 cm e $s= 1,4$, enquanto que o menor comprimento observado foi do acesso 87N (Paysandu, Uruguai), com 4,8 cm e $s= 0,5$. A largura foliar variou de $1,5 \text{ cm} \pm 0,2$ (73N, Nova Ovinhos/SP) a $0,4 \text{ cm} \pm 0,1$ (37N, Santa Lúcia, Uruguai). A angulação de inserção das folhas apresentou variação de $65^\circ \pm 21,8$ no acesso 79N (Corrientes, Argentina) a $15^\circ \pm 13,2$ em V24 (Eldorado do Sul, RS). A cor da base da nervura central variou de branca ($m= 1, s= 0$) em Pensacola, VAR, 13N, 16N, 17N, 30N, 33N, 36N, 48N, 51N, 66N, 67N, 70N, 80N, 83N, 89N, 92N, 95, V2, V4, V10, V12, V23, V26, V29, V30, V41, V47, V51 e V67, a verde ($m= 1, s= 0$) em 73N, 79N, 87N, 93N, V13, V49 e V50. Nos demais acessos esta característica foi variável. Para a presença de pilosidade nas lâminas foliares, 48 acessos foram glabros, três apresentaram variação para pilosidade e apenas V13 (Capivari do Sul, RS) e V49 (Mostardas, RS) apresentaram todas as plantas com lâminas completamente pilosas.

Em relação às inflorescências, a maior parte dos acessos apresentou dois racemos, mas três, quatro e até cinco racemos foram observados durante as avaliações, como nos acessos V13, 70N, 87N e 89N. O comprimento dos racemos variou de 14,7 cm ($s= 0,4$) em 92N (Santa Fé, Argentina) a 5,3 cm ($s= 1,7$) em V49 (Mostardas, RS). A angulação entre os racemos apresentou valor máximo de $93,3^\circ$ ($s= 40,1$) em V5 (Capivari do Sul, RS) e mínimo de $18,3^\circ$ ($s= 5,8$) em V4 (Barra do Quaraí, RS). As hastes floríferas foram avaliadas quanto à altura, e esta variou de 46,9 cm ($s= 1,6$) em 30N (Santa Fé, Argentina) a 14,9 cm ($s= 3,1$) em V47 (Arapei, Argentina).

TABELA 4. Continuação... Características morfológicas dos acessos de *P. notatum* (m= média, s= desvio padrão). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Acesso	BC		BL		BCr		BP		FC		FL		FAI		FCNC		FP		INR		ICR		IAR		HFA		HP	
	cm		cm						cm		cm		graus								cm		graus		cm			
	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
V26	5,7	0,5	0,7	0,1	2,0	0,0	2,0	0,0	8,1	0,5	0,5	0,1	25,0	5,0	1,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	6,2	0,3	38,3	12,6	22,7	0,2	1,0	0,0
V27	5,5	1,8	0,8	0,1	2,0	0,0	2,0	0,0	6,9	3,1	0,7	0,1	18,3	15,3	1,3	0,6	2,0	0,0	2,3	0,6	6,2	0,3	38,3	23,1	20,0	1,3	3,0	0,0
V29	7,4	1,6	1,0	0,1	1,3	0,6	2,0	0,0	14,3	2,4	1,0	0,1	31,7	10,4	1,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	9,1	1,3	43,3	15,3	22,4	1,9	1,0	0,0
V30	5,5	0,8	0,9	0,1	1,3	0,6	2,0	0,0	10,0	1,6	0,8	0,1	53,3	32,1	1,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	7,1	1,1	46,7	5,8	25,0	2,8	3,0	0,0
V31	6,8	3,0	1,0	0,1	1,0	0,0	2,0	0,0	10,2	1,8	0,8	0,3	35,0	13,2	1,3	0,6	2,0	0,0	2,0	0,0	8,4	1,7	33,3	15,3	23,5	6,6	3,0	0,0
V32	6,0	1,7	1,0	0,2	1,7	0,6	2,0	0,0	13,8	4,4	0,9	0,1	33,3	23,6	1,7	0,6	2,0	0,0	2,0	0,0	8,5	0,0	20,0	0,0	15,2	0,0	3,0	0,0
V35	4,4	0,6	1,0	0,0	1,0	0,0	2,0	0,0	9,9	1,6	1,0	0,1	50,0	7,1	1,5	0,7	2,0	0,0	2,0	0,0	7,5	0,5	40,0	0,0	17,4	0,0	3,0	0,0
V41	6,1	1,8	1,1	0,1	1,7	0,6	2,0	0,0	14,4	1,2	1,0	0,1	30,0	17,3	1,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	9,8	1,2	42,5	3,5	29,0	6,3	3,0	0,0
V42	8,6	2,9	1,0	0,1	1,0	0,0	2,0	0,0	11,0	5,8	0,8	0,2	30,0	18,0	1,3	0,6	2,0	0,0	2,0	0,0	9,9	1,9	70,3	4,5	30,4	3,8	1,0	0,0
V47	3,6	0,5	0,8	0,1	1,0	0,0	2,0	0,0	6,6	1,3	0,7	0,2	38,3	2,9	1,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	5,9	0,9	36,7	2,9	14,9	3,1	3,0	0,0
V49	6,7	0,6	0,7	0,1	1,0	0,0	1,0	0,0	6,2	4,7	0,6	0,2	23,3	15,3	2,0	0,0	1,0	0,0	2,0	0,0	5,3	1,7	55,0	18,0	16,2	5,5	3,0	0,0
V50	5,7	1,5	1,1	0,1	1,0	0,0	1,3	0,6	9,5	0,6	1,2	0,4	45,0	8,7	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	8,2	1,2	38,3	41,6	15,8	10,9	3,0	0,0
V51	7,7	0,9	0,9	0,1	1,0	0,0	2,0	0,0	15,5	2,6	0,8	0,1	55,0	26,5	1,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	10,5	1,5	70,0	13,2	34,9	4,1	1,0	0,0
V66	6,1	0,9	1,1	0,1	2,0	0,0	2,0	0,0	10,5	1,4	1,0	0,2	46,7	15,3	1,7	0,6	1,7	0,6	2,0	0,0	9,2	0,2	50,0	5,0	24,8	5,9	3,0	0,0
V67	6,4	1,7	1,0	0,1	1,3	0,6	2,0	0,0	14,4	3,6	0,9	0,1	43,3	2,9	1,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	8,9	1,8	33,3	7,6	26,5	0,6	1,0	0,0
V69	5,2	0,9	0,8	0,1	1,0	0,0	2,0	0,0	7,9	3,4	1,0	0,6	46,7	20,2	1,3	0,6	2,0	0,0	2,0	0,0	6,7	0,6	36,7	5,8	22,8	2,7	1,0	0,0
MG	7,2	1,4	0,9	0,1	1,4	0,2	2,0	0,0	12,4	2,4	0,8	0,1	37,8	13,4	1,3	0,2	1,9	0,0	2,1	0,1	9,0	1,0	46,6	15,4	26,9	4,0	1,8	0,1

BC (comprimento da bainha), BL (largura da Bainha), BCr (coloração da bainha; 1- violácea, 2- glabra), BP (pilosidade da bainha; 1- pilosa, 2- glabra), FC (comprimento da folha), FL (largura da folha), FAI (angulação de inserção da folha), FCNC (cor da nervura central da folha; 1- esbranquiçada, 2- esverdeada), FP (pilosidade da folha; 1- pilosa, 2- glabra), INR (número de racemos na inflorescência), ICR (comprimento dos racemos da inflorescência), IAR (angulação dos racemos na inflorescência), HFA (altura das hastas floríferas), HP (hábito da planta; 1- ereto, 2- intermediário, 3- prostrado).

Em relação ao hábito da planta, 30 acessos apresentaram hábito ereto, 17 hábito prostrado e em seis acessos variaram entre as plantas analisadas.

Considerando a média de todos os acessos, visando à caracterização geral dos materiais avaliados, as bainhas foliares possuíam $7,2 \text{ cm} \pm 1,4$ de comprimento, com largura de $0,9 \text{ cm} \pm 0,1$, com coloração variável (violácea ou esverdeada) e glabras. As lâminas foliares apresentaram comprimento de $12,4 \text{ cm} \pm 2,4$, largura de $0,8 \text{ cm} \pm 0,1$, com angulação de inserção de $37,8^\circ \pm 13,4$, nervura central de cor esbranquiçada, podendo aparecer acessos com cor esverdeada e ausência de pilosidade. Os acessos apresentaram em média dois racemos, de $9,0 \text{ cm} \pm 1,0$ de comprimento e angulação de $46,6^\circ \pm 15,4$. As hastes floríferas possuíam altura de $26,9 \text{ cm} \pm 4,0$ e as plantas apresentaram hábito de crescimento intermediário.

Os resultados da análise de divergência genética a partir da distância de Mahalanobis entre os acessos, com base nos caracteres morfológicos, considerando três repetições por acesso, encontram-se na Tabela 5 (Apêndices 1 e 2).

Pode-se observar que a característica que apresentou maior variância corresponde à angulação dos racemos (IAR $s^2= 243,72$), com valor máximo de $93,33^\circ$ e mínimo de $18,33^\circ$. Esta característica foi responsável por 53,4% da variância total observada. A angulação de inserção das folhas (FAI $s^2= 116,94$) a qual variou de $65,0^\circ$ a $15,0^\circ$, teve contribuição de 25,6% da variância. A altura das hastes floríferas (HFA $s^2= 63,62$) com valores de $46,9 \text{ cm}$ a $14,9 \text{ cm}$ contribuiu com 13,9% da variância. Estas três características

representaram 92,9% da variância total observada para as 14 características avaliadas neste trabalho.

TABELA 5. Estatística descritiva obtidas pela análise da distância de Mahalanobis em relação às características morfológicas. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Variável	Variância	Média	Máximo	Mínimo
BC	4,12	7,19	13,7	3,6
BL	0,26	0,91	1,27	0,4
BCr	0,17	1,43	2,0	1,0
BP	0,02	1,97	2,0	1,0
FC	21,06	12,37	24,6	4,8
FL	0,04	0,83	1,47	0,4
FAI	116,94	37,83	65,0	15,0
FCNC	0,13	1,26	2,0	1,0
FP	0,05	1,93	2,0	1,0
INR	0,02	2,06	2,67	2,0
ICR	5,42	9,02	14,68	5,28
IAR	243,72	47,15	93,33	18,33
HFA	63,62	26,95	46,9	14,9
HP	0,91	1,79	3,0	1,0

BC (comprimento da bainha), BL (largura da Bainha), BCr (coloração da bainha), BP (pilosidade da bainha), FC (comprimento da folha), FL (largura da folha), FAI (angulação de inserção da folha), FCNC (cor da nervura central da folha), FP (pilosidade da folha), INR (número de racemos na inflorescência), ICR (comprimento dos racemos da inflorescência), IAR (angulação dos racemos na inflorescência), HFA (altura das hastes floríferas), HP (hábito da planta).

Analisando os resultados do agrupamento pelo método de Tocher (Tabela 6), os acessos estudados formaram 16 grupos. Abaixo, é descrito os grupos obtidos neste trabalho.

Grupo 1: acessos 13N (Vacaria, RS), 49N (Guaíba, RS), 37N (Santa Lúcia, Uruguaí) e 20N (Guaíba, RS). As bainhas foliares com comprimento de 9,3 a 7,1 cm, largura de 1,0 a 0,6 cm, variação para a cor e ausência de pilosidade. As lâminas foliares possuíam 18,0 a 6,0 cm de comprimento, 0,9 a 0,4 cm de largura, inserção da folha a 50,0 a 27,0°, variação na cor da nervura central e ausência de pilosidade. As inflorescências com dois racemos, comprimento de 9,9 a 6,3 cm, e angulação de 85,0 a 35,0° entre os racemos. As hastes floríferas com altura de 47,0 a 30,0 cm e o hábito das plantas foi variável.

TABELA 6. Caracterização dos 16 grupos formados pelo Método de Tocher (valores médios, máximos e mínimos de cada grupo para as 14 variáveis). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Grupos	Acessos		BC	BL	BCr	BP	FC	FL	FAI	FCNC	FP	INR	ICR	IAR	HFA	HP
1	13N, 49N, 37N, 20N	Méd.	7,7	0,8	1,5	2,0	11,0	0,6	35,0	1,3	2,0	2,0	8,0	59,0	37,0	1,8
		Máx.	9,3	1,0	2,0	2,0	18,0	0,9	50,0	1,7	2,0	2,0	9,9	85,0	47,0	3,0
		Mín.	7,1	0,6	1,0	2,0	6,0	0,4	27,0	1,0	2,0	2,0	6,3	35,0	30,0	1,0
2	V29, 92N, V27, 17N, V49, 95N, 70N, 36N, 80N, 51N	Méd.	7,5	1,0	1,5	1,9	15,0	0,9	37,0	1,1	1,9	2,1	9,7	55,0	26,0	1,5
		Máx.	12,0	1,2	2,0	2,0	25,0	1,2	60,0	2,0	2,0	2,7	15	77,0	41,0	3,0
		Mín.	5,5	0,7	1,0	1,0	6,2	0,6	18,0	1,0	1,0	2,0	5,3	38,0	16,0	1,0
3	48N, 83N, 93N, 66N	Méd.	10,0	0,9	1,8	2,0	16,0	0,8	32,0	1,3	2,0	2,0	11,0	41,0	26,0	1,0
		Máx.	14,0	1,0	2,0	2,0	20,0	1,0	38,0	2,0	2,0	2,0	14,0	47,0	42,0	1,0
		Mín.	6,3	0,7	1,3	2,0	6,5	0,6	25,0	1,0	2,0	2,0	6,4	38,0	18,0	1,0
4	30N, 89N	Méd.	7,3	0,9	1,5	2,0	13,0	0,8	40,0	1,0	2,0	2,2	10,0	61,0	27,0	1,0
		Máx.	9,5	0,9	2,0	2,0	18,0	0,9	45,0	1,0	2,0	2,3	14,0	70,0	28,0	1,0
		Mín.	5,0	0,8	1,0	2,0	8,7	0,7	35,0	1,0	2,0	2,0	6,4	52,0	27,0	1,0
5	V5, V9, V23, V26	Méd.	6,6	0,8	1,5	2,0	9,1	0,7	33,0	1,3	1,8	2,0	7,5	51,0	24,0	2,5
		Máx.	8,0	0,8	2,0	2,0	13,0	0,8	42,0	1,7	2,0	2,0	9,6	93,0	28,0	3,0
		Mín.	5,4	0,7	1,0	2,0	7,3	0,5	25,0	1,0	1,3	2,0	6,2	28,0	22,0	1,7
6	V32, V35, 67N	Méd.	7,3	0,9	1,7	2,0	14,0	0,8	38,0	1,4	2,0	2,0	9,3	33,0	19,0	2,3
		Máx.	11,0	1,0	2,0	2,0	18,0	1,0	50,0	1,7	2,0	2,0	12,0	40,0	24,0	3,0
		Mín.	4,0	0,8	1,5	2,0	9,9	0,6	30,0	1,0	2,0	2,0	7,6	20,0	15,0	1,0
7	Pensacola, 16N, V50, V30, V2, V24, V10, V41, V69	Méd.	6,4	0,9	1,4	2,0	11,0	0,8	37,0	1,2	2,0	2,0	8,4	41,0	26,0	1,7
		Máx.	9,9	1,1	2,0	2,0	16,0	1,2	53,0	2,0	2,0	2,0	10,0	53,0	45,0	3,0
		Mín.	5,2	0,7	1,0	2,0	6,9	0,6	15,0	1,0	2,0	2,0	6,7	30,0	26,0	1,0
8	André da Rocha, Bagual, V42	Méd.	8,1	1,0	1,4	2,0	12,0	0,9	34,0	1,2	2,0	2,1	10,0	62,0	31,0	2,1
		Máx.	9,4	1,0	2,0	2,0	14,0	0,9	40,0	1,3	2,0	2,3	13,0	70,0	40,0	3,0
		Mín.	6,2	0,9	1,0	2,0	11,0	0,8	30,0	1,0	2,0	2,0	7,9	55,0	21,0	1,0
9	V4, 79N	Méd.	6,5	1,0	1,3	2,0	13,0	0,9	60,0	2,0	2,0	2,2	10,0	32,0	36,0	1,0
		Máx.	8,1	1,2	1,7	2,0	18,0	1,1	65,0	2,0	2,0	2,3	13,0	45,0	38,0	1,0
		Mín.	5,0	0,8	1,0	2,0	8,2	0,7	55,0	2,0	2,0	2,0	7,1	18,0	33,0	1,0
10	71N, V31	Méd.	6,5	1,0	1,0	2,0	10,0	0,8	37,0	1,3	2,0	2,0	7,6	32,0	29,0	3,0
		Máx.	6,8	1,0	1,0	2,0	10,0	0,8	38,0	1,3	2,0	2,0	8,4	33,0	35,0	3,0
		Mín.	6,1	1,0	1,0	2,0	10,0	0,8	35,0	1,3	2,0	2,0	6,8	30,0	24,0	3,0
11	33N, 87N	Méd.	5,4	0,9	1,0	2,0	11,0	0,8	36,0	1,5	2,0	2,0	7,9	37,0	26,0	2,0
		Máx.	5,9	1,0	1,0	2,0	14,0	0,9	42,0	2,0	2,0	2,0	9,6	42,0	28,0	3,0
		Mín.	4,8	0,7	1,0	2,0	8,2	0,7	30,0	1,0	2,0	2,0	6,1	33,0	23,0	1,0
12	69N, 73N	Méd.	6,2	1,0	1,2	2,0	11,0	1,1	45,0	1,7	1,7	2,0	8,5	58,0	25,0	2,0
		Máx.	6,7	1,3	1,3	2,0	14,0	1,5	46,0	2,0	2,0	2,0	10,0	68,0	26,0	3,0
		Mín.	5,7	0,8	1,0	2,0	8,2	0,7	43,0	1,3	1,3	2,0	6,7	48,0	23,0	1,0

TABELA 6. Continuação... Caracterização dos 16 grupos formados pelo Método de Tocher (valores médios, máximos e mínimos de cada grupo para as 14 variáveis). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Grupos	Acessos		BC	BL	BCr	BP	FC	FL	FAI	FCNC	FP	INR	ICR	IAR	HFA	HP
13	V66, V67	Méd.	6,3	1,1	1,7	2,0	12,0	0,9	45,0	1,3	1,8	2,0	9,1	42,0	26,0	2,0
		Máx.	6,4	1,1	2,0	2,0	14,0	1,0	47,0	1,7	2,0	2,0	9,2	50,0	27,0	3,0
		Mín.	6,1	1,0	1,3	2,0	11,0	0,9	43,0	1,0	1,7	2,0	8,9	33,0	25,0	1,0
14	V12, V13	Méd.	8,3	0,9	1,5	2,0	12,0	0,8	36,0	1,5	1,5	2,5	8,5	32,0	26,0	1,0
		Máx.	9,4	0,9	2,0	2,0	12,0	1,0	37,0	2,0	2,0	2,7	9,9	42,0	31,0	1,0
		Mín.	7,2	0,9	1,0	2,0	11,0	0,6	35,0	1,0	1,0	2,3	7,1	23,0	22,0	1,0
15	V47	Méd.	3,6	0,8	1,0	2,0	6,6	0,7	38,3	1,0	2,0	2,0	5,9	36,7	14,9	3,0
16	V51	Méd.	7,7	0,9	1,0	2,0	15,5	0,8	55,0	1,0	2,0	2,0	10,5	70,0	34,9	1,0

BC (comprimento da bainha), BL (largura da Bainha), BCr (coloração da bainha; 1- violácea, 2- glabra), BP (pilosidade da bainha; 1- pilosa, 2- glabra), FC (comprimento da folha), FL (largura da folha), FAI (angulação de inserção da folha), FCNC (cor da nervura central da folha; 1- esbranquiçada, 2- esverdeada), FP (pilosidade da folha; 1- pilosa, 2- glabra), INR (número de racemos na inflorescência), ICR (comprimento dos racemos da inflorescência), IAR (angulação dos racemos na inflorescência), HFA (altura das hastas floríferas), HP (hábito da planta; 1- ereto, 2- intermediário, 3- prostrado). AR (André da Rocha), Bag (Bagual), Pen (Pensacola).

Grupo 2: acessos V29 (Mostardas, RS), 92N (Santa Fé, Argentina), V27 (Lavras do Sul, RS), 17N (RS, Brasil), V49 (Mostardas, RS), 95N (Corrientes, Argentina), 70N (Cordoba, Argentina), 36N (Santa Fé, Argentina), 80N (Guaíba, RS) e 51N (Santa Fé, Argentina). Foi o maior grupo formado. Este grupo foi caracterizado por bainhas de comprimento 12,0 a 5,5 cm, 1,2 a 0,7 cm de largura, variando para coloração e pilosidade. O comprimento das lâminas foliares foi de 25,0 a 6,2 cm e 1,2 a 0,6 cm de largura, inserida de 60, 0 a 18,0° e variação para cor da nervura central e pilosidade. Possuíam dois ou mais racemos na inflorescência, de comprimento 15,0 a 5,3 cm e angulação entre eles de 77,0 a 38,0°. A altura das hastes floríferas foi de 41,0 a 16,0 cm e hábito variável.

Grupo 3: acessos 48N (Mercedes, Argentina), 83N (Corrientes, Argentina), 93N (Bom Jesus, RS) e 66N (Santa Fé, Argentina). Caracterizou-se por bainhas de 14,0 a 6,3 cm de comprimento e 1,0 a 0,7 cm de largura, coloração variável e ausência de pilosidade. As lâminas foliares com 20,0 a 6,5 cm de comprimento e 1,0 a 0,6 cm de largura, inseridas de 33,0 a 25,0°, coloração da nervura central variável e ausência de pilosidade. As inflorescências possuíam dois racemos, com 14,0 a 6,4 cm de comprimento e 47,0 a 38,0° de ângulo entre os racemos. A altura das hastes floríferas foi de 42,0 a 18,0 cm, e o hábito das plantas ereto.

Grupo 4: acessos 30N (Santa Fé, Argentina) e 89N (Tacuarembó, Uruguai). As bainhas foliares tinham 9,5 a 5,0 cm de comprimento e 0,9 a 0,8 cm de largura, possibilidade de variação na cor das mesmas e ausência de pilosidade. As lâminas foliares tinham 18,0 a 8,7 cm de comprimento e 0,9 a

0,7 cm de largura, inseridas de $45,0$ a $35,0^\circ$, com nervura central de cor branca e glabras. As inflorescências apresentaram dois ou mais racemos de comprimento $14,0$ a $6,4$ cm, com $70,0$ a $52,0^\circ$ de angulação entre eles. As hastes floríferas possuíam $28,0$ a $29,0$ cm e as plantas apresentaram hábito ereto.

Grupo 5: acessos V5 (Capivari do Sul, RS), V9 (Vale do Sol, RS), V23 (Eldorado do Sul, RS) e V26 (Lavras do Sul, RS). Apresentou bainhas de $8,0$ a $5,4$ cm de comprimento e $0,8$ a $0,7$ cm de largura, coloração variável e glabras. As lâminas foliares tinham $13,0$ a $7,3$ cm de comprimento e $0,8$ a $0,5$ cm de largura, angulação de inserção de $42,0$ a $25,0^\circ$, variando a cor da nervura central e pilosidade. O número de racemos foi dois com $9,6$ a $6,2$ cm de comprimento e angulação de $93,0$ a $28,0^\circ$. As hastes floríferas apresentaram $28,0$ a $22,0$ cm de altura e o hábito das plantas foi variável.

Grupo 6: V32 (Barretos, SP), V35 (São Borja, RS) e 67N (Santa Fé, Argentina). Caracterizou-se por bainhas de $11,0$ a $4,0$ cm de comprimento e $1,0$ a $0,8$ cm de largura, coloração variável e ausência de pilosidade. As lâminas foliares possuíam $18,0$ a $9,9$ cm de comprimento e $1,0$ a $0,6$ cm de largura, inseridas a $50,0$ - $30,0^\circ$, com nervura central de cor variável e glabras. Com dois racemos nas inflorescências, de comprimento $12,0$ a $7,6$ cm e angulação de $40,0$ a $20,0^\circ$. A altura das hastes floríferas foi de $24,0$ a $15,0$ cm e o hábito das plantas variável.

Grupo 7: acessos Pensacola (Viamão, RS), V50 (Piracicaba, SP), 16N (Montevideu, Uruguai), V30 (Bagé, RS), V2 (Uruguaiana, RS), V24 (Eldorado do Sul, RS), V10 (Candói, RS), V41 (Arapei, Argentina) e V69 (São

José do Hortênsio, RS). Este se caracterizou por bainhas de comprimento 9,9 a 5,2 cm e 1,1 a 0,7 cm de largura, coloração podendo variar e ausência de pilosidade. As lâminas foliares com 16,0 a 6,9 cm de comprimento e 1,2 a 0,6 cm de largura, inseridas em angulação de 53,0 a 15,0°, nervura central de cor variável e ausência de pilosidade. Dois racemos por inflorescências de 10,0 a 6,7 cm de comprimento inseridos a 53,0 a 30,0°. Hastes floríferas possuíam 45,0 a 26,0 cm de comprimento e hábito variável.

Grupo 8: André da Rocha (André da Rocha, RS), Bagual (Missões, RS) e V42 (Arapei, Argentina), com bainhas foliares de 9,4 a 6,2 cm de comprimento e 1,0 a 0,9 cm de largura, coloração variável e ausência de pilosidade. As lâminas foliares possuíam 14,0 a 11,0 cm de comprimento e 0,9 a 0,8 cm de largura, inseridas a 40,0 a 30,0°, nervura central de cor variável e glabras. Racemos em número de dois ou mais, com 11,0 a 7,9 cm de comprimento e angulação de 70,0 a 55,0°. As hastes floríferas possuíam 40,0 a 21,0 cm de comprimento e hábito variável.

Grupo 9: V4 (Barra do Quaraí, RS) e 79N (Corrientes, Argentina). Caracterizou-se por bainhas de 8,1 a 5,0 cm de comprimento, 1,2 a 0,8 cm de largura, glabras e cor variável. As lâminas foliares possuíam 18,0 a 8,2 cm de comprimento e 1,1 a 0,7 cm de largura, inseridas em angulação de 65,0 a 55,0°, cor da nervura central verde e ausência de pilosidade. Inflorescências com 2 ou mais racemos de 13,0 a 7,1 cm de comprimento e angulação de 45,0 a 18,0°. Hastes floríferas de 38,0 a 33,0 cm de altura e plantas com hábito ereto.

Grupo 10: 71N (Montenegro, RS) e V31 (André da Rocha, RS).

Caracterizado por bainhas de 6,8 a 6,1 cm de comprimento e 1,0 cm de largura, de coloração esverdeada e ausência de pilosidade. Lâminas foliares com 10,0 cm de comprimento e 0,8 cm de largura, inseridas em 38,0 a 35,0°, variável para cor nervura central e ausência de pilosidade. Possuíam dois racemos com 8,4 a 6,8 cm de comprimento e 33,0 a 30,0° de angulação, hastes floríferas de 35,0 a 24,0 cm e hábito de crescimento prostrado.

Grupo 11: 33N (Guaíba, RS) e 87N (Paysandu, Uruguai). Apresentaram bainhas foliares de 5,9 a 4,8 cm de comprimento e 1,0 a 0,7 cm de largura, coloração esverdeada e ausência de pilosidade. Lâminas foliares de 14,0 a 8,2 cm de comprimento e 0,9 a 0,7 cm de largura, inseridas a 42,0-30,0°, com variação na cor de nervura central e ausência de pilosidade. Racemos em número de dois, possuíam 9,6 a 6,1 cm de comprimento e angulação de 42,0 a 33,0°. As hastes floríferas apresentaram 28,0 a 23,0 cm de comprimento e hábito de crescimento variável.

Grupo 12: 69N (Rio Negro, Uruguai) e 73N (Nova Ovinhos, SP), com bainhas foliares de comprimento 6,7 a 5,7 cm, e 1,3 a 0,8 cm de largura, apresentando variação na coloração e ausência de pilosidade. As lâminas foliares têm 14,0 a 8,2 cm de comprimento e 1,5 a 0,7 cm de largura, inseridas de 46,0 a 43,0°, variando a cor da nervura central e podendo ou não ter pilosidade. Possuíam dois racemos por inflorescência, comprimento de 10,0 a 6,7 cm e angulação de 68,0 a 48,0°. Hastes floríferas atingiam 26,0 a 23,0 cm de altura e hábito de crescimento apresentando variação.

Grupo 13: V66 (Uruguai) e V67 (Uruguai), com bainhas foliares de 6,4 a 6,1 cm de comprimento e 1,1 a 1,0 cm de largura, de cor variável e

glabras. Lâminas foliares possuem 14,0 a 11,0 cm de comprimento e 1,0 a 0,9 cm de largura, angulação de inserção de 47,0 a 43,0°, variação na cor da nervura central e na pilosidade. O número de racemos é dois, com 9,2 a 8,9 cm de comprimento e angulação de 50,0 a 33,0°. Hastes floríferas atingem 27,0 a 25,0 cm de comprimento e as plantas apresentaram hábito variável.

Grupo 14: acessos V12 (Candói, RS) e V13 (Capivari do Sul, RS). Caracterizou-se por ter bainhas foliares com 9,4 a 7,2 cm de comprimento e 0,9 cm de largura, coloração variada e glabras. Lâminas foliares possuíam 12,0 a 11,0 cm de comprimento e 1,0 a 0,6 cm de largura, inseridas a 37,0-35,0°, cor da nervura central e pilosidade podendo variar. Com dois racemos de 9,9 a 7,1 cm de comprimento, e angulação de 42,0 a 23,0°, hastes floríferas atingindo 31,0 a 22,0 cm de altura e hábito das plantas ereto.

Grupo 15: acesso V47 (Arapei, Argentina), apresentou bainhas foliares de 3,6 cm de comprimento e 0,8 cm de largura, cor esverdeada e ausência de pilosidade. As lâminas foliares possuíam 6,6 cm de comprimento e 0,7 cm de largura, inseridas a 38,3°, cor da nervura central esbranquiçada e ausência de pilosidade. Com dois racemos de 5,9 cm de comprimento, e angulação de 36,7°. A altura das hastes floríferas apresentou 14,9 cm e hábito prostrado.

Grupo 16: acesso V51 (Possadas, Argentina) é caracterizado por bainhas foliares com 7,7 cm de comprimento e 0,9 cm de largura, coloração esverdeada e ausência de pilosidade. As lâminas foliares possuíam 15,5 cm de comprimento e 0,8 cm de largura, inseridas a 55,0°, nervura central esbranquiçada e ausência de pilosidade. Inflorescências com dois racemos de

10,5 cm e angulação de $70,0^\circ$, com hastes floríferas de 34,9 cm de altura e hábito das plantas ereto.

Os maiores valores médio para o comprimento de bainhas foliares foram encontrados no grupo 3 (10,0 cm) enquanto que os menores, no grupo 14 (3,6 cm). Para largura de bainha, os grupos 1, 5 e 15 (0,8 cm) apresentaram os menores valores e o grupo 13 os maiores (1,1 cm). Os grupos 10, 11, 15 e 16 possuem somente bainhas esverdeadas e o restante dos grupos demonstraram variação para esta característica. O grupo 2 apresentou variação para a presença de pilosidade, enquanto nos demais grupos, as bainhas foliares apresentaram-se glabras.

Para as médias das lâminas foliares, o grupo 3 apresentou os maiores comprimentos (16,0 cm) e o grupo 15, os menores valores (6,6 cm) de comprimento. A largura das lâminas foliares apresentou valor máximo no grupo 12 (1,1 cm) e valor mínimo de 0,6 cm no grupo 1. Em relação à angulação de inserção da folha, os maiores ângulos foram observados no grupo 9 ($60,0^\circ$), enquanto que os menores no grupo 3 ($33,0^\circ$). A cor da nervura central foi esbranquiçada nos grupos 4, 15 e 16 e esverdeada no grupo 9, enquanto que nos demais esta característica apresentou-se variável. Nenhum grupo apresentou apenas lâminas foliares pilosas; entretanto, nos grupos 2, 5, 12, 13 e 14 pode aparecer pilosidade, enquanto que nos demais, as lâminas foliares foram glabras.

Em relação às inflorescências, a maioria apresentou dois racemos, e os grupos 2, 4, 8, 9 e 14 podem apresentar mais que dois racemos. Os valores máximos para o comprimento dos racemos foram observados no grupo 3 (11,0

cm) e os mínimos no grupo 15 (5,9 cm). A angulação entre os racemos apresentou maiores valores no grupo 16 (70,0°) e os menores nos 9, 10 e 14 (32,0°).

A altura das hastes floríferas apresentou os maiores valores no grupo 1 (37,0 cm) e menores no grupo 15 (14,9 cm). E quanto ao hábito das plantas, os grupos 3,4, 9, 14 e 16 tinham hábito ereto, os grupos 10 e 15, hábito prostrado e no restante esta característica foi variável.

A variabilidade de formas encontradas neste trabalho é maior que a encontrada por outros autores para esta espécie. Barreto (1974) descreveu quatro “formas” a partir de características relacionadas com aspecto, vigor, dimensões e pilosidade das folhas, altura dos colmos floríferos, número e comprimento dos racemos, dimensões e coloração das espiguetas. Entretanto, estabelecer uma relação entre as “formas” descritas por este autor com os grupos formados neste estudo torna-se difícil. Barreto (1974) analisou apenas plantas ocorrentes no Estado do Rio Grande do Sul e as características levadas em consideração para a delimitação das “formas” foram distintas das utilizadas neste trabalho.

Canto-Dorow (1993) descreveu quatro biótipos para *P. notatum*, sendo que as principais características que os diferenciam são o comprimento e largura das folhas, presença ou ausência de pilosidade, tamanho das espiguetas e número de nervuras no lema I. O biótipo A, caracterizado por plantas com lâminas foliares longas e largas está presente em todos os grupos formados neste estudo, exceto o grupo 15. O biótipo B, caracterizado por lâminas foliares longas e estreitas, está presente nos grupos 1 e 5. O biótipo C,

com lâminas curtas e estreitas, ocorre nos mesmos grupos que o biótipo B. Já o biótipo D, caracterizado pela pubescência das lâminas foliares, ocorre nos grupos 2, 5, 12, 13 e 14. O grupo 15 formado neste trabalho não se enquadra em nenhum dos biótipos, pois apresenta lâminas foliares consideradas por Canto-Dorow (1993) curtas e largas.

Steiner (2005) descreveu seis grupos morfológicos para os 41 acessos analisados. As características que mais contribuíram para a formação dos grupos foram comprimento e largura das folhas, comprimento dos racemos e das espiguetas. Ao grupo 1 descrito por este autor são encontradas características semelhantes nos grupos 6, 7, 9 e 11, e ao grupo 4, características ocorrentes nos grupos 7 e 9. Quanto aos grupos 2, 3, 5 e 6 formados por este autor, nenhum dos 16 grupos descritos aqui, enquadra-se em todas as características.

Outro estudo realizado por Cidade (2006), visando a caracterização morfológica a partir de oito caracteres de 95 acessos de *P. notatum*, permitiu a formação de oito grupos. As características com maior contribuição para a divergência entre os acessos foram a altura do colmo florífero, comprimento das lâminas foliares e dos racemos e largura das lâminas foliares. Ao grupo 1, caracteres similares são encontrados nos grupos 1, 2, 3, 7 e 15 aqui descritos. Ao grupo 2, características semelhantes são encontradas em todos os grupos formados neste trabalho, exceto nos grupos 6, 12, 13 e 15. Ao grupo 3, pertencem acessos dos grupos 2, 3 e 6. Ao grupo 6, apenas caracteres similares são encontrados no grupo 2. Ao grupo 7, caracteres similares estão nos grupos 2 e 3. Aos grupos 4, 5 e 8 não há nenhum grupo descrito aqui que

possa ser considerado correspondente.

O valor máximo de divergência foi observado entre os acessos V4 (grupo 4) e V49 (grupo 2) com valor de 497,51. O menor valor de divergência é observado entre os acessos 36N e 95N com valor de 2,24. Estes dois acessos pertencem ao grupo 2, ambos coletados na Argentina.

Outra observação importante é a contribuição que cada característica avaliada apresentou para a divergência entre os acessos estudados (Tabela 7). Neste caso, destacou-se o hábito das plantas, a pilosidade da bainha e pilosidade da folha, contribuindo com 30,90%, 13,95% e 10,31%, respectivamente, que somados, contribuíram com 55,16% para a divergência dos acessos.

TABELA 7. Contribuição relativa dos caracteres para divergência, obtidas a partir do Método de Singh (1981). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Variável	Valor (%)
Comprimento da Bainha (cm)	1,36
Largura da Bainha (cm)	7,04
Cor da Bainha	4,36
Pilosidade da Bainha	13,95
Comprimento da Folha (cm)	4,06
Largura da Folha (cm)	3,50
Angulação da Folha (graus)	1,02
Cor da Nervura Central	4,31
Pilosidade da Folha	10,31
Número de Racemos	1,42
Comprimento dos Racemos (cm)	8,56
Angulação dos Racemos (graus)	2,60
Altura das Hastes Floríferas (cm)	6,62
Hábito da Planta	30,90

As características que mais contribuíram para a divergência entre os acessos são as que merecem uma maior atenção na seleção dos materiais. Destas, o hábito das plantas poderia ser utilizado na seleção de acessos de

uma espécie forrageira. As plantas com hábito ereto teriam provavelmente uma maior produção de forragem, já que este é uma adaptação decorrente da competição por luz, além de as plantas eretas tenderem a uma altura maior. No caso da espécie *P. notatum*, a altura é, em geral, o comprimento das folhas e bainhas. Entretanto, as plantas com hábito prostrado podem ser mais adaptadas ao pastejo intenso, podendo ser utilizadas em sistemas de manejo contínuo, além de serem melhores colonizadoras de novos habitats.

A partir dos resultados apresentados, é possível verificar que há variabilidade para todas as características morfológicas analisadas, especialmente para a angulação entre os racemos e na inserção das folhas, além da altura das hastes floríferas.

Outra característica que apresentou variação é o número de racemos, sendo importante destacar que se trata de uma das variáveis usadas para caracterizar o grupo Notata, do gênero *Paspalum*. Variação para esta característica foi citada anteriormente por Canto-Dorow (1993) como sendo mais comum em plantas de *P. notatum* var. *saurae*.

A distância genética poderia ser usada para a escolha de progenitores que sejam geneticamente distantes, a fim de preservar a variabilidade existente e potencializar a heterose. Por outro lado, a caracterização morfológica auxiliaria na escolha de progenitores que reunissem características desejáveis, como folhas com maior comprimento e largura e hábito mais ereto como sendo as que apresentam maior produção de matéria seca.

Neste estudo, os grupos não apresentam relação clara com os locais

de origem e coleta, pois os acessos coletados na mesma região ou em regiões bastante próximas ficaram em grupos diferentes. Estes resultados possibilitam selecionar um grupo morfológico que apresente a maioria das características relevantes para os objetivos de um programa de melhoramento e ao mesmo tempo preservar a variabilidade genética destes materiais.

4.2 Avaliação Agronômica

Os resultados da produção de matéria seca (MS) dos cortes realizados durante duas estações de crescimento consecutivas encontram-se nas Tabelas 8, 9 e 10 (Apêndice 3).

No primeiro corte, as produções de MST variaram de 85 g (48N) a 2 g.planta⁻¹ (V2) e a análise estatística realizada possibilitou a divisão dos 55 acessos em quatro classes. Dois acessos de *P. notatum*, 48N e 95N, os quais produziram 85 (48N) a 73 g.planta⁻¹ de MST (95N), se igualaram em produção de MST com o acesso de *P. guenoarum* Baio que produziu 82 g.planta⁻¹ (grupo a). Ao outro acesso de *P. guenoarum* Azulão, que produziu 43 g, quatro acessos de *P. notatum* apresentaram produções MST semelhantes, 70N, 83N, 92N e 30N (grupo b), com 54, 53, 51 e 43 g.planta⁻¹, respectivamente. A comparação dos acessos de *P. notatum* com os de *P. guenoarum* foi realizada neste trabalho, pois Azulão e Baio são materiais que têm apresentado um excelente desempenho em vários trabalhos recentes do DPFA da UFRGS (Steiner, 2005; Sawasato, 2007; Townsend, 2008, Pereira, 2009). O acesso Bagual produziu 30 g.planta⁻¹ de MST e juntamente com nove outros acessos formaram o grupo c, com produções de 34 (13N) a 20 g.planta⁻¹ (V67).

TABELA 8. Produção de MST e MSF em cada corte e o total acumulado do período de verão no primeiro período de avaliações (verão – 2009), em (g.planta⁻¹). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Acesso	Corte 1 20/01/2009		Corte 2 06/03/2009		Total Acumulado	
	MST	MSF	MST	MSF	MST	MSF
	(g.planta ⁻¹)	(g.planta ⁻¹)	(g.planta ⁻¹)	(g.planta ⁻¹)	(g.planta ⁻¹)	(g.planta ⁻¹)
*Baio	82a	49a	156a	50a	238 ^a	99a
*Azulão	45b	27c	127b	35b	172b	62b
48N	85a	39b	99b	49a	184b	88a
95N	73a	35b	109b	54a	182b	89a
70N	51b	19d	56c	29b	106c	48b
83N	53b	16d	46c	29b	99c	44c
92N	54b	18d	40c	20b	94c	38c
30N	43b	23c	50c	27b	93c	51b
V4	26c	11d	63c	28b	88c	39c
Bagual	34c	15d	49c	22b	83c	37c
67N	25c	11d	40c	22b	64d	33c
17N	30c	16d	33c	24b	63d	40c
36N	34c	17d	28c	17c	62d	35c
73N	29c	16d	32c	16c	61d	32c
13N	34c	13d	25c	11c	60d	24c
66N	24c	11d	32c	20b	56d	31c
V42	18d	9d	33c	23b	51d	33c
V67	20c	11d	27c	19b	47d	30c
80N	17d	12d	30c	26b	47d	38c
V51	25c	13d	20d	16c	45e	29c
V29	14d	9e	28c	25b	42e	39c
V41	16d	7e	24c	16c	40e	22c
33N	15d	11d	24c	21b	39e	31c
49N	13d	8e	19d	17c	32e	25c
51N	19d	10d	12d	7c	31e	17d
V31	15d	9e	13d	10c	28e	19d
69N	15d	8e	12d	10c	26e	18d
V10	7d	4e	19d	18c	26e	22c
André da Rocha	9d	6e	16d	13c	25e	19d
V12	15d	5e	10d	5c	25e	10d
V27	11d	4e	13d	11c	24e	15d
79N	15d	8e	8d	7c	23e	16d
71N	12d	6e	11d	9c	23e	16d
16N	17d	8e	6d	4c	23e	12d
V50	9d	6e	14d	9c	22e	16d
V13	11d	8e	9d	7c	19e	15d
V23	13d	4e	7d	5c	19e	10d
V66	15d	6e	4d	3c	19e	9d
87N	11d	5e	7d	6c	18e	11d
20N	7d	4e	10d	7c	17e	11d
V30	9d	4e	8d	7c	17e	11d
93N	10d	3e	5d	4c	15e	7d
V24	11d	4e	3d	1c	13e	5d
V69	7d	3e	5d	4c	13e	8d
Pensacola	6d	3e	6d	4c	13e	7d
V32	6d	3e	6d	6c	12e	9d
V26	9d	3e	3d	3c	12e	5d
37N	4d	2e	6d	6c	10e	8d
V5	3d	2e	7d	5c	10e	7d
V9	8d	4e	2d	1c	9e	5d
89N	6d	3e	3d	3c	9e	6d
V47	4d	2e	3d	3c	8e	5d
V35	3d	2e	3d	3c	6e	5d
V49	4d	3	2d	2c	6e	4d
V2	2d	1e	2d	2c	4e	3d

Acessos pertencentes à espécie *P. guenoarum*.

Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste do Scott & Knott.

O acesso André da Rocha, com 9 g.planta⁻¹, a cultivar Pensacola produzindo 6 g.planta⁻¹ e os demais acessos formaram o grupo d, com as mais

baixas produções, de 19 (51N) a 2 (V2) g.planta⁻¹ de MST. A cultivar Pensacola foi utilizada como testemunha, por ser um dos poucos materiais perenes de verão disponível por sementes, sendo por isso, uma das poucas alternativas para os produtores.

Para a produção de MSF do primeiro corte, foram obtidos cinco grupos de significância, sendo o grupo a formado apenas pelo acesso Baio (49 g.planta⁻¹). Os acessos 48N e 95N, com produções de 39 e 35 g.planta⁻¹ de MSF, respectivamente, formaram o grupo b. O acesso Azulão e 30N formaram o grupo c (27 e 23 g.planta⁻¹ de MSF). Bagual (15 g.planta⁻¹) e 16 outros acessos de *P. notatum* formaram o grupo d, com produções de MSF variando de 19 (70N) a 10 g.planta⁻¹ (51N). André da Rocha e Pensacola formaram o grupo com as menores produções, (6 e 3 g.planta⁻¹) juntamente com outros 31 acessos, que produziram 9 (V29) a 1 g.planta⁻¹ (V2) de MSF.

Em relação ao segundo corte, os dados obtidos seguiram a mesma tendência da avaliação anterior, formando quatro grupos de significância para MST. Destaca-se o acesso Baio, com produções de 156 g.planta⁻¹, seguido dos acessos Azulão, 95N e 48N, produzindo 127, 109 e 99 g.planta⁻¹, respectivamente. O acesso Bagual, com 49 g.planta⁻¹, juntamente com 17 outros acessos, produziram de 62 (V4) a 24 g.planta⁻¹ (V41), formando o grupo c. André da Rocha e Pensacola, com produções de 16 e 6 g.planta⁻¹ de MST, juntamente com os demais acessos, foram os menos produtivos, atingindo valores que variaram de 20 (V51) a 2 g.planta⁻¹ (V9). A produção de MSF agrupou os acessos em três níveis de significância. As maiores produções foram observadas para 95N, Baio e 48N, com valores de 54, 50 e 49 g.planta⁻¹.

Em sequência, 15 acessos, entre eles Azulão (35 g.planta⁻¹) e Bagual (22 g.planta⁻¹), apresentaram produções de 35 a 19 g.planta⁻¹ (V67), formando o grupo b. As menores produções de MSF variaram de 18 (V10) a 1 g.planta⁻¹ (V9) em 33 acessos, entre estes, André da Rocha (13 g.planta⁻¹) e a Cultivar Pensacola (4 g.planta⁻¹).

Um terceiro corte, programado para o início do mês de abril de 2009 foi perdido, devido à entrada acidental de animais na área experimental. Por isso, a produção de MST e MSF da espécie durante o verão do primeiro período de avaliação é obtida com base no primeiro e segundo cortes. Nesse período, o acesso Baio apresentou as maiores produções de MST (238 g.planta⁻¹), seguido dos acessos 48N, 95N e Azulão, com valores de 184, 182 e 172 g.planta⁻¹, respectivamente. Bagual, juntamente com outros cinco acessos, formaram o grupo seguinte em produção, variando de 106 (70N) a 83 g.planta⁻¹ (Bagual). Formou-se um grupo d, com nove acessos, e as produções oscilaram de 64 (67N) a 47 g.planta⁻¹ (80N). A cultivar Pensacola, produzindo 13 g.planta⁻¹, o acesso André da Rocha, 25 g.planta⁻¹, e o restante dos acessos foram os que apresentaram as menores produções nesse período (45 em V51 a 4 g.planta⁻¹ em V2).

Ainda em relação ao período de verão do primeiro período, as produções de MSF destacaram três acessos: Baio, 95N e 48N, os quais produziram 99, 89 e 88 g.planta⁻¹, respectivamente. Estes três acessos foram seguidos de Azulão (62 g.planta⁻¹), 30N (51 g.planta⁻¹), 70N (48 g.planta⁻¹). O restante dos acessos formou dois outros grupos. A cultivar Pensacola apresentou as mais baixas produções de MSF (7 g.planta⁻¹), juntamente com

André da Rocha (19 g.planta⁻¹). Bagual, com valores de 37 g.planta⁻¹, foi mais produtivo que a cultivar, entretanto, sua produção foi inferior aos demais acessos citados anteriormente.

A partir da produção acumulada destas duas avaliações, foi possível observar que os dois acessos de *P. notatum*, 48N e 95N se igualaram em produções de MST aos dois acessos de *P. guenoarum*. Para a produção de MSF, quatro acessos de *P. notatum*, 48N, 95N, 70N e 30N apresentaram valores semelhantes aos de *P. guenoarum*.

Em 15 de julho de 2009 foi realizada uma avaliação apenas para os acessos de *P. guenoarum*, em função de serem os únicos materiais que apresentavam crescimento neste período (Tabela 9). Estudos realizados previamente com esta espécie demonstraram que a mesma apresenta boa tolerância ao frio e geadas, mantendo uma boa distribuição da produção, que abrange épocas de menores temperaturas (Dall'Agnol & Gomes, 1987; Steiner, 2005; Sawasato, 2007). Estes dados são confirmados neste trabalho, onde as produções no outono-inverno de MST foram de 86 e 63 g.planta⁻¹ e MSF de 84 e 62 g.planta⁻¹, para Baio e Azulão, respectivamente. Os dois acessos não diferiram estatisticamente.

TABELA 9. Produção de MST e MSF dos acessos de *P. guenoarum* durante o inverno (2009), em g.planta⁻¹. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Acesso	Corte 3 15/07/2009	
	MST (g.planta ⁻¹)	MSF (g.planta ⁻¹)
Azulão	86a	84a
Baio	63a	62a

Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste do Scott & Knott.

Na Tabela 10 são apresentadas as produções dos acessos obtidas

no segundo período de avaliação. O primeiro corte deste período corresponde à produção de MST e MSF de todos os acessos durante o inverno. É possível observar que as produções de MST e MSF de cada acesso foram similares, sendo a matéria seca de colmo (MSC) pouco representativa neste período. O acesso Azulão apresentou os maiores valores de MST e MSF (55 e 49 g.planta⁻¹), seguido do acesso 48N (44 e 40 g.planta⁻¹). Os acessos Baio (31 e 28 g.planta⁻¹), 30N (27 e 26 g.planta⁻¹) e 95N (27 e 26 g.planta⁻¹) tiveram produções menores que os citados anteriormente, para MST e MSF, respectivamente. Bagual, com produções de 20 g.planta⁻¹ de MST e 18 g.planta⁻¹ de MSF, formou um grupo juntamente com outros quatro acessos, com produções variando de 23 (V42) a 18 g.planta⁻¹ de MST (V4) e 21 (V42) a 16 g.planta⁻¹ de MSF (36N). Pensacola, com produções de MST e MSF de 3 g.planta⁻¹, agrupada juntamente com André da Rocha, o qual produziu 3 g.planta⁻¹ de MST e 3 g.planta⁻¹ de MSF, novamente entre os menos produtivos (14 em V41 a 1 g.planta⁻¹ de MST em V2; e 13 em V41 a 1 g.planta⁻¹ de MSF em V49).

As produções da primavera estão representadas pelos cortes 2 e 3 do segundo período de avaliação (Tabela 10). As maiores produções de MST e MSF no segundo corte foram observadas para Azulão, com 160 e 132 g.planta⁻¹, respectivamente, seguidos do acesso Baio, com 108 e 83 g.planta⁻¹, respectivamente. Entre os acessos de *P. notatum*, os que apresentaram maiores produções foram 95N: produzindo 76 g.planta⁻¹ de MST e 70 g.planta⁻¹ de MSF, 48N, que produziu 67 g.planta⁻¹ de MST e 63 g.planta⁻¹ de MSF e 92N, com valores 62 g.planta⁻¹ de MST.

TABELA 10. Produção de MST e MSF em cada corte e o total do segundo ano de avaliações (2009-2010), em g.planta⁻¹. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Acessos	Corte 1		Corte 2		Corte 3		Total	
	22/09/2009		16/11/2009		15/12/2009		MST (g.planta ⁻¹)	MSF (g.planta ⁻¹)
	MST (g.planta ⁻¹)	MSF (g.planta ⁻¹)	MST (g.planta ⁻¹)	MSF (g.planta ⁻¹)	MST (g.planta ⁻¹)	MSF (g.planta ⁻¹)		
*Azulão	55 ^a	49 ^a	160 ^a	132 ^a	197 ^a	132 ^a	412 ^a	313 ^a
48N	44 ^b	40 ^b	67 ^c	63 ^c	174 ^b	136 ^a	284 ^b	239 ^b
*Baio	31 ^c	28 ^c	108 ^b	83 ^b	119 ^c	92 ^b	258 ^c	203 ^c
95N	27 ^c	26 ^c	76 ^c	70 ^c	95 ^d	87 ^b	198 ^d	183 ^c
V4	18 ^d	18 ^d	45 ^d	44 ^d	107 ^d	90 ^b	169 ^e	151 ^d
30N	27 ^c	26 ^c	42 ^d	39 ^d	74 ^e	63 ^c	144 ^f	128 ^e
Bagual	20 ^d	18 ^d	37 ^d	36 ^d	53 ^f	47 ^d	110 ^g	101 ^f
36N	18 ^d	16 ^d	36 ^d	34 ^d	47 ^g	39 ^d	100 ^h	90 ^f
V41	14 ^e	13 ^e	41 ^d	38 ^d	38 ^g	32 ^e	93 ^h	83 ^f
V42	23 ^d	21 ^d	34 ^d	34 ^d	35 ^g	31 ^e	93 ^h	86 ^f
92N	10 ^e	10 ^e	62 ^c	49 ^d	18 ^h	13 ^f	91 ^h	71 ^g
70N	10 ^e	10 ^e	39 ^d	37 ^d	38 ^g	31 ^e	87 ^h	78 ^g
V10	7 ^e	6 ^e	34 ^d	33 ^d	43 ^g	41 ^d	83 ^h	80 ^g
83N	11 ^e	10 ^e	35 ^d	33 ^d	36 ^g	23 ^e	82 ^h	66 ^g
V51	19 ^d	19 ^d	24 ^d	24 ^e	33 ^g	30 ^e	77 ^h	72 ^g
80N	8 ^e	8 ^e	33 ^d	32 ^d	29 ^g	28 ^e	70 ^h	68 ^g
73N	10 ^e	9 ^e	17 ^e	17 ^f	40 ^g	39 ^d	67 ^h	66 ^g
67N	10 ^e	9 ^e	27 ^d	17 ^f	28 ^g	17 ^f	65 ^h	44 ^h
66N	9 ^e	9 ^e	28 ^d	24 ^e	16 ^h	11 ^f	53 ⁱ	44 ^h
V67	8 ^e	8 ^e	34 ^d	34 ^d	5 ^h	4 ^f	47 ⁱ	45 ^h
17N	9 ^e	9 ^e	20 ^e	19 ^f	17 ^h	16 ^f	46 ⁱ	44 ^h
André da Rocha	3 ^e	3 ^e	21 ^e	20 ^f	21 ^h	20 ^f	45 ⁱ	43 ^h
V12	6 ^e	6 ^e	21 ^e	18 ^f	14 ^h	9 ^f	41 ⁱ	34 ^h
51N	7 ^e	7 ^e	14 ^e	13 ^f	19 ^h	14 ^f	41 ⁱ	35 ^h
33N	6 ^e	6 ^e	10 ^e	10 ^f	22 ^h	21 ^e	39 ⁱ	37 ^h
13N	8 ^e	7 ^e	15 ^e	13 ^f	16 ^h	12 ^f	38 ⁱ	32 ^h
16N	8 ^e	8 ^e	23 ^d	23 ^e	6 ^h	6 ^f	38 ⁱ	36 ^h
V32	3 ^e	3 ^e	14 ^e	13 ^f	17 ^h	16 ^f	34 ⁱ	33 ^h
V69	5 ^e	5 ^e	15 ^e	14 ^f	12 ^h	9 ^f	32 ⁱ	28 ^h
87N	5 ^e	5 ^e	11 ^e	11 ^f	13 ^h	10 ^f	30 ⁱ	27 ^h
71N	6 ^e	6 ^e	8 ^e	8 ^g	14 ^h	11 ^f	29 ⁱ	25 ^h
V24	5 ^e	4 ^e	9 ^e	8 ^g	15 ^h	12 ^f	28 ⁱ	25 ^h
V66	4 ^e	4 ^e	14 ^e	14 ^f	9 ^h	7 ^f	28 ⁱ	26 ^h
79N	8 ^e	7 ^e	12 ^e	11 ^f	7 ^h	7 ^f	27 ⁱ	25 ^h
V47	2 ^e	2 ^e	12 ^e	12 ^f	11 ^h	10 ^f	26 ⁱ	24 ^h
V30	5 ^e	4 ^e	6 ^e	6 ^g	15 ^h	12 ^f	26 ⁱ	22 ⁱ
V50	2 ^e	2 ^e	14 ^e	14 ^f	8 ^h	7 ^f	25 ^j	23 ⁱ
49N	6 ^e	6 ^e	15 ^e	15 ^f	1 ^h	1 ^f	23 ^j	23 ⁱ
V23	7 ^e	7 ^e	5 ^e	5 ^g	9 ^h	7 ^f	21 ^j	18 ⁱ
V31	2 ^e	2 ^e	6 ^e	6 ^g	12 ^h	10 ^f	19 ^j	18 ⁱ
V13	5 ^e	5 ^e	7 ^e	6 ^g	7 ^h	7 ^f	19 ^j	18 ⁱ
37N	3 ^e	3 ^e	5 ^e	4 ^g	11 ^h	10 ^f	18 ^j	17 ⁱ
20N	3 ^e	3 ^e	7 ^e	6 ^g	6 ^h	5 ^f	16 ^j	15 ⁱ
89N	5 ^e	5 ^e	10 ^e	9 ^g	1 ^h	1 ^f	16 ^j	15 ⁱ
69N	2 ^e	2 ^e	5 ^e	5 ^g	8 ^h	6 ^f	15 ^j	13 ⁱ
Pensacola	3 ^e	3 ^e	6 ^e	6 ^g	5 ^h	5 ^f	14 ^j	13 ⁱ
V27	3 ^e	3 ^e	2 ^e	2 ^g	8 ^h	6 ^f	13 ^j	12 ⁱ
93N	2 ^e	2 ^e	5 ^e	5 ^g	4 ^h	4 ^f	12 ^j	11 ⁱ
V35	2 ^e	2 ^e	5 ^e	4 ^g	4 ^h	4 ^f	10 ^j	10 ⁱ
V9	2 ^e	2 ^e	4 ^e	3 ^g	4 ^h	3 ^f	10 ^j	9 ⁱ
V2	1 ^e	1 ^e	3 ^e	3 ^g	5 ^h	4 ^f	9 ^j	6 ⁱ
V5	2 ^e	2 ^e	5 ^e	5 ^g	2 ^h	2 ^f	9 ^j	8 ⁱ
V26	2 ^e	1 ^e	2 ^e	2 ^g	3 ^h	3 ^f	7 ^j	6 ⁱ
V29	1 ^e	1 ^e	2 ^e	1 ^g	4 ^h	3 ^f	7 ^j	6 ⁱ
V49	1 ^e	1 ^e	2 ^e	2 ^g	1 ^h	1 ^f	5 ^j	5 ⁱ

Acessos pertencentes à espécie *P. guenoarum*.

Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste do Scott & Knott.

Os demais acessos foram divididos em dois grupos de significância

para produção de MST. Bagual, com produção de 37 g.planta⁻¹ de MST, inserido no grupo cujas produções variaram de 45 (V4) a 23 g.planta⁻¹ (16N).

A cultivar foi um dos acessos que apresentou menor produção, 6 g.planta⁻¹, não diferindo estatisticamente de André da Rocha, 21 g.planta⁻¹. Para a MSF, os demais acessos foram divididos em quatro níveis de significância, e a Pensacola produziu 6 g.planta⁻¹, sendo semelhante aos acessos com menores produções.

A Figura 2 demonstra a diferença da produção de material verde em alguns dos acessos estudados. Na Figura 2 – A, o acesso Baio, *P. guenoarum*, na Figura 2 – B, 48N, um dos acessos mais produtivos de *P. notatum*, e em 2 – C, a cultivar Pensacola. A partir desta Figura, é possível realizar uma comparação visual entre estes materiais na data da avaliação (16 de novembro de 2009), onde a produção de forragem é visivelmente mais elevada nos acessos Baio e 48N, quando comparadas à Pensacola.

Em relação ao corte 3 (Tabela 10), os acessos foram separados em oito níveis de significância para MST e seis para MSF. Azulão novamente foi o acesso com maiores produções de MST, 197 g.planta⁻¹, seguido de 48N, 174 g.planta⁻¹. Após estes, Baio, com valores 119 g.planta⁻¹, seguido de V4, 107 g.planta⁻¹ e 95N, 95 g.planta⁻¹. A produção de MSF foi maior nos acessos 48N e Azulão, 136 e 132 g.planta⁻¹, respectivamente, não diferindo estatisticamente. Após estes, os acessos Baio, V4 e 95N, com produções de 92, 90 e 87 g.planta⁻¹, respectivamente, seguidos de 30N (63 g.planta⁻¹). A Pensacola ficou novamente entre os que menos produziram MST e MSF, 5 e 5 g.planta⁻¹, respectivamente, não diferindo estatisticamente de André da Rocha, que

produziu 21 g.planta⁻¹ de MST e 20 g.planta⁻¹ de MSF. O acesso Bagual foi estatisticamente mais produtivo que a cultivar, com 53 g.planta⁻¹ de MST e 47 g.planta⁻¹ de MSF.

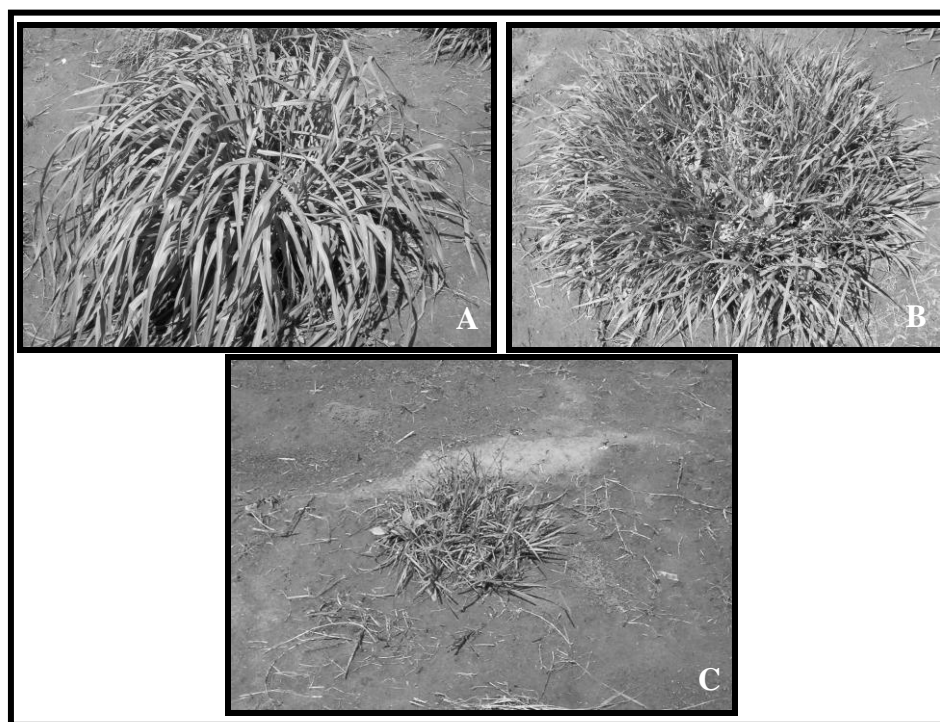


Figura 2 – Plantas de diferentes acessos de *Paspalum*, fotografadas em 16/11/2009. A – *P. guenoarum*, acesso Baio. B – *P. notatum*, acesso 48N. C – *P. notatum*, cultivar Pensacola. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

As produções acumuladas de MST do segundo período de avaliação (Tabela 10) variaram de 412 (Azulão) a 5 g.planta⁻¹ (V2) e os acessos foram separados em dez grupos. Azulão foi o acesso mais produtivo, com 412 g.planta⁻¹, seguido de 48N (284 g.planta⁻¹). Baio foi o terceiro acesso com maiores produções (258 g.planta⁻¹), seguido de 95N, o qual produziu 198 g.planta⁻¹. Após estes, V4, com 169 g.planta⁻¹, seguido de 30N (144 g.planta⁻¹). Bagual foi o sétimo acesso em produção de MST, com 110 g.planta⁻¹. André da

Rocha apresentou produções de 45 g.planta⁻¹, sendo mais produtivo que a Pensacola, a qual teve novamente os menores valores de produção, 14 g.planta⁻¹ de MST.

A produção de MSF acumulada de primavera do segundo período de avaliação variou de 313 (Azulão) a 5 g.planta⁻¹ (V49). O acesso Azulão foi seguido por 48N, 239 g.planta⁻¹. Baio e 95N foram os seguintes, com 203 e 183 g.planta⁻¹ MSF, não diferindo estatisticamente. Os acessos V4 e 30N também mostraram boas produções, 151 e 127 g.planta⁻¹ de MSF, respectivamente. Outros três acessos, 36N, V42 e V41 não diferiram estatisticamente do acesso Bagual (101 g.planta⁻¹), atingindo produções de 90, 86 e 83 g.planta⁻¹, respectivamente. A cultivar produziu 13 g.planta⁻¹, estando entre os acessos com menores produções de MSF.

As produções totais de MST e MSF obtidas em todas as avaliações realizadas no experimento estão descritas na Tabela 11 (Apêndice 3), bem como a porcentagem dessa produção em relação à Pensacola, considerando a cultivar como 100%.

As produções acumuladas de MST variaram de 670 (Azulão) a 11 g.planta⁻¹ (V49), sendo formados oito classes de significância. Já as produções acumuladas de MSF variaram de 459 a 9 g.planta⁻¹, para os mesmos acessos, também com oito classes de significância. A partir destes dados, pode-se verificar que a espécie estudada apresenta ampla variabilidade, não apenas morfológica, mas também em produção de forragem.

Considerando as produções totais, Azulão foi o acesso mais produtivo, chegando a produzir em MST cerca de 2500% a mais em relação a

cultivar e MSF de 2200% a mais.

TABELA 11. Produção de MST e MSF total, em g.planta⁻¹, e percentual de produção em relação à cultivar Pensacola (100%), EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Acessos	Produção Total		% em relação à Pensacola	
	MST (g.planta ⁻¹)	MSF (g.planta ⁻¹)	MST (%)	MSF (%)
*Azulão	670a	459a	2502	2254
*Baio	559b	363b	2089	1784
48N	469c	327c	1752	1608
95N	380d	272d	1420	1337
V4	258e	190e	963	936
30N	237e	178e	886	875
Bagual	194f	138f	725	677
70N	193f	126f	721	618
92N	185f	110f	691	540
83N	181f	110f	675	541
36N	162g	124f	606	610
V42	143g	119f	535	583
V41	133g	105f	498	515
67N	129g	77g	484	376
73N	128g	98f	477	481
V51	122g	101f	455	496
80N	117g	106f	437	521
17N	109g	84f	409	412
V10	109g	101f	409	498
66N	109g	75g	408	369
13N	98h	56g	366	274
V67	94h	75g	352	368
33N	78h	69g	293	338
51N	72h	51g	268	252
André da Rocha	70h	62g	263	305
V12	66h	44h	247	215
16N	60h	48g	225	235
49N	55h	48g	205	234
71N	51h	41h	192	201
79N	50h	41h	188	201
V29	49h	40h	182	198
87N	47h	37h	177	183
V31	47h	36h	177	179
V66	47h	35h	176	171
V50	47h	38h	176	189
V32	46h	41h	173	203
V69	45h	35h	168	173
V30	42h	33h	158	162
V24	42h	30h	157	149
69N	42h	31h	156	151
V23	41h	28h	151	136
V13	38h	33h	141	163
V27	37h	26h	140	130
V47	34h	29h	127	144
20N	33h	26h	125	127
37N	28h	25h	105	124
Pensacola	27h	20h	100	100
93N	26h	17h	98	85
89N	25h	21h	93	102
V9	19h	14h	72	67
V5	19h	15h	70	74
V26	19h	11h	69	56
V35	16h	15h	61	73
V2	14h	10h	51	51
V49	11h	9h	41	45

Acessos pertencentes à espécie *P. guenoarum*.

Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste do Scott & Knott.

O segundo acesso com maiores produções foi o acesso Baio, sendo

cerca de 2000% e 1700% mais produtivo que a Pensacola em MST e MSF, respectivamente.

Estes dois acessos são pertencentes à espécie *P. guenoarum*, para os quais foi feito uma avaliação em julho, o que não ocorreu para os demais acessos de *P. notatum* avaliados neste estudo (Tabela 9). Esses dois acessos têm sido avaliados para a produção de MS e demonstraram elevadas produções, quando comparadas com outras espécies do gênero (Steiner, 2005; Sawasato, 2007; Townsend, 2008; Pereira, 2009).

Dezoito acessos de *P. notatum* tiveram produções de MST estatisticamente mais elevadas que a Pensacola. Quando apenas as produções de MSF são analisadas, 25 acessos foram estatisticamente mais produtivos que a cultivar. É importante ressaltar que entre os acessos de *P. notatum*, 48N e 95N, com produções totais de MST de 469 e 380 g.planta⁻¹, e produções de MSF de 327 e 272 g.planta⁻¹, respectivamente, foram estatisticamente os mais produtivos dentre os *P. notatum* em todos os cortes, sendo em alguns, semelhantes aos acessos de *P. guenoarum*. Em relação à Pensacola, 48N e 95N produziram 1700 e 1400% de MST e 1600 e 1300% de MSF a mais, respectivamente. Outros dois acessos que merecem destaque são V4 e 30N, que chegaram a produções de 258 e 237 g.planta⁻¹ de MST e 190 e 178 g.planta⁻¹ de MSF, sendo cerca de 900% mais produtivos que a cultivar. Com exceção do acesso V4, que no primeiro ano não esteve entre os mais produtivos, os demais acessos, 48N, 95N e 30N, foram também os que mais produziram MS no verão do período ano de avaliações.

É importante salientar também que alguns materiais avaliados neste

estudo tiveram produções superiores aos acessos denominados Bagual e André da Rocha. Estes dois acessos já foram avaliados em outros estudos e apresentaram elevadas produções de MS, sendo considerados materiais de destaque da espécie (Steiner, 2005; Sawasato, 2007; Townsend, 2008).

A Figura 3 ilustra as produções de MST em cada corte realizado neste experimento, com os valores da produção da cultivar Pensacola e as médias de todos os acessos de *P. notatum*, dos quatro melhores acessos de *P. notatum* e dos acessos de *P. guenoarum*. É possível verificar que em todas as avaliações os materiais demonstram uma mesma tendência, onde a média dos acessos de *P. guenoarum* foram os mais produtivos, seguido dos quatro melhores acessos de *P. notatum* (48N, 95N, V4 e 30N). A média das produções de todos os acessos de *P. notatum* apresentou-se maior que as produções da cultivar Pensacola. Estes dados evidenciam o potencial forrageiro deste grupo de acessos avaliados neste trabalho, dos quais podem ser selecionados os melhores materiais e avaliados sob outras formas, como por exemplo, em parcelas, que leva em consideração, além do potencial de produção, a competitividade das plantas na parcela.

A partir dos resultados obtidos, pode-se observar que há uma grande variabilidade na produção de MST e MSF dos 53 acessos de *P. notatum* analisados neste trabalho, e muitos destes materiais superam a cultivar comercial disponível no mercado.

Os acessos que apresentaram as maiores produções no primeiro e segundo períodos de avaliação são materiais provenientes de diferentes locais da Argentina, Mercedes (48N), Corrientes (95N), Cordoba (70N) e Santa Fé

(30N). Apenas V4 é proveniente de Barra do Quaraí (RS). Com relação às características morfológicas, estes acessos acima citados apresentam médias de comprimento das lâminas foliares, entre 17,7 a 22,6 cm, o que pode justificar as maiores produções de MS. Além disso, estes acessos foram classificados como tendo hábito ereto, com exceção de 48N, que apresentou variação para esta característica. Em relação aos grupos morfológicos, 95N e 70N pertencem ao grupo 2, 48N ao grupo 3, 30N ao grupo 4 e V4 ao grupo 9.

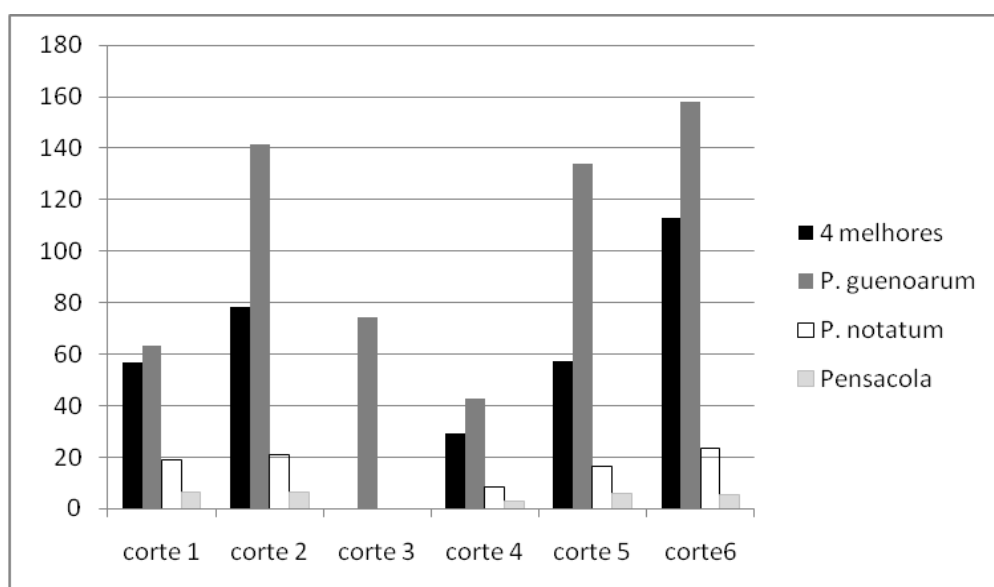


FIGURA 3 – Gráfico com as produções de MST por avaliação, para a cultivar Pensacola, média dos 4 melhores acessos de *P. notatum* e de todos os acessos desta espécie e média dos acessos de *P. guenoarum*. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS, 2010.

Ao analisar a produção de MS em uma coleção de acessos de *P. nicorae* e caracterizada morfológicamente por Reis (2008), Pereira (2009) salientou que os acessos com maiores produções de MS foram materiais que apresentaram altura e comprimento das folhas acima da média da coleção. Estes dados indicam que esta característica (comprimento das folhas) pode

estar estreitamente relacionada com a produção de MS.

Os resultados obtidos neste trabalho são semelhantes aos obtidos por outros pesquisadores, onde a cultivar Pensacola apresenta produção de matéria seca inferior aos materiais nativos (Prates, 1977; Steiner, 2005; Sawasato, 2007; Pereira, 2009).

Além disso, os dados aqui discutidos são semelhantes aos obtidos por Steiner (2005), que avaliou dois acessos de *P. guenoarum* (Baio e Azulão) e três acessos de *P. notatum* (Bagual, André da Rocha e Pensacola) em parcelas. O autor obteve valores de produção de MS dos acessos de *P. guenoarum* mais elevados que os de *P. notatum*. Dos três acessos de *P. notatum*, Bagual foi o mais produtivo e André da Rocha foi semelhante em produção à cultivar Pensacola.

De acordo com Sawasato (2007), as espécies de *P. guenoarum* e *P. notatum* tiveram boa persistência, sobrevivendo ao inverno do sul do Brasil. Neste trabalho, em relação à persistência dos materiais avaliados, que foi analisada logo após o término do inverno, houve diferença estatística, permitindo a formação de dois grupos. A maioria dos acessos pertence ao grupo que apresenta melhor persistência, dentre os quais, cabe destacar os acessos de *P. guenoarum* (Azulão e Baio) e os acessos 48N, 95N, V4, 30N, que são os materiais com produções mais elevadas de MS, além dos acessos Bagual e André da Rocha. Os acessos 37N, 89N, 93N, V2, V5, V9, V10, V13, V24, V26, V29, V31, V32, V35, V41, V49 e Pensacola são pertencentes ao grupo b, podendo ser considerados os menos persistentes.

Os resultados obtidos com a avaliação agrônômica dos 53 acessos

de *P. notatum*, permitem destacar materiais com potencial forrageiro, os quais apresentam elevados valores de produção de MS além de apresentarem boa persistência ao inverno do sul do Brasil. Estes materiais, em função do modo de reprodução que apresentam, poderiam no futuro ser liberados como cultivares comerciais, desde que suas características se confirmem em outros trabalhos, aumentando em muito a disponibilidade de germoplasma para os produtores, além de ajudar na preservação de nossas espécies nativas. Além disso, devido à atual disponibilidade de acessos sexuais, seria possível a utilização destes materiais nativos como progenitores masculinos no programa de melhoramento genético da espécie existente no DPFA da UFRGS.

4.3 Análise Molecular

Na análise molecular foram testados 11 *primers* de SSR, dos quais oito foram utilizados nas análises de similaridade (Tabela 3). Os oito marcadores utilizados detectaram quatro alelos por loco, num total 32 fragmentos de DNA polimórficos, nos 53 acessos de *P. notatum* (Tabela 1). O número de alelos teve uma média de quatro. Os tamanhos alélicos variaram de 115 a 383 pares de bases (pb) (Tabela 12).

Neste trabalho, foram detectados fragmentos de DNA que não pertenciam à regiões de SSR amplificadas devido ao tamanho das mesmas. Estes fragmentos de DNA, provavelmente, são resultado do uso de *primers* heterólogos à espécie *P. notatum*. Para a análise dos géis, foram levadas em consideração apenas os fragmentos de DNA que se encontravam entre os marcadores de 100 e 400 pb, a fim de padronizar as análises e obter uma

estimativa da diversidade dos materiais confiáveis. Na Figura 4, o gel de agarose ilustra os fragmentos de DNA amplificados pelo *primer* M12-52 em 15 acessos de *P. notatum*. As setas estão indicando os quatro fragmentos de DNA utilizadas para avaliar o polimorfismo entre os materiais.

TABELA 12 – Tamanho alélico (pb), número de alelos (A), conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) e heterosiguidade observada de cada um dos oito marcadores de microssatélites analisados na caracterização de 53 acessos de *P. notatum*. UFRGS, Porto Alegre, RS, 2010.

<i>Primer</i>	Tamanho alélico (pb)	A	PIC	Ho
Pv-3	115-364	4	0,41	0,32
Pv-11	135-255	4	0,42	0,46
Pv-53	118-289	4	0,65	0,69
M4-213	121-233	4	0,67	0,73
M15-185	169-330	4	0,56	0,89
M16-B	142-369	4	0,69	0,60
M2-148	144-383	4 <td 0,54	0,72	
M12-52	139-358	4	0,60	0,78
Total		32		
Média		4	0,57	0,65
Mín-Máx	115-383		0,41-0,69	0,32-0,89

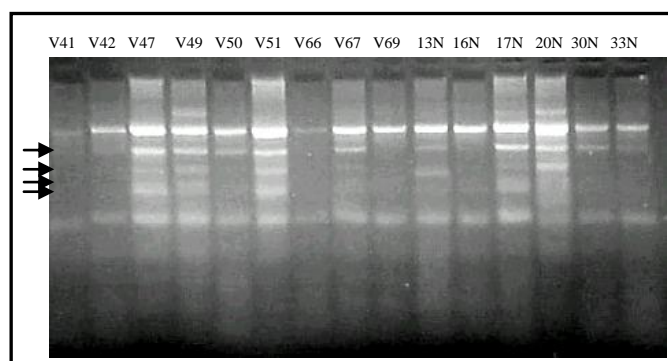


FIGURA 4 – Gel de agarose com fragmentos de DNA de 15 acessos de *P. notatum* em análise do *primer* de microssatélite M12-52. UFRGS, Porto Alegre, RS, 2010.

Os *primers* utilizados neste estudo foram desenhados para outras espécies, como milho (*Zea mays*), arroz (*Oriza sativa*) e sorgo (*Sorghum bicolor*). Wang et al. (2006) estudaram a transferibilidade destes marcadores de

SSR para *Paspalum*, e demonstraram uma taxa de transferência de 67,5, 49,0 e 66,8% respectivamente. Além destes autores, outros pesquisadores obtiveram dados satisfatórios ao utilizar estes marcadores (Kubik et al., 1999; Kölliker et al., 2001).

Sawasato et al. (2008), utilizando os mesmos *primers* avaliados neste trabalho em *P. urvillei*, também detectaram a presença de quatro alelos por loco, com 28 fragmentos de DNA polimórficos. Entretanto, Liu et al. (1995) avaliaram a diversidade genética em ecótipos de *P. vaginatum* e encontraram seis a 16 fragmentos de DNA, com uma média de 14 fragmentos de DNA por loco.

O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variou de 0,41 a 0,69, com uma média de 0,57 (Tabela 5). Os baixos valores de PIC observados podem ser devido ao uso de *primers* heterólogos. Todos os locos foram polimórficos, variando de zero a quatro alelos por acesso de *P. notatum* analisado. Esse fato pode estar associado à heterozigose dos materiais, visto que o modo de reprodução é apomítico e os acessos são de locais de origem bastante diversificados.

Em relação à heterosigosidade observada, esta variou de 0,32 a 0,89, com uma média de 0,65 (Tabela 12). Estes resultados reforçam a hipótese de uma elevada heterose para os locos avaliados neste trabalho.

A similaridade média entre os genótipos analisados foi baixa (0,29), variando de zero (entre vários acessos) a 0,83 (entre V31 e V66) (Apêndice 4). O baixo valor de similaridade média pode ser explicado pela grande diversidade morfológica, bem como pela grande variabilidade na produção de

MS. Dos 53 acessos de *P. notatum* estudados, dois acessos, V32 e 87N, não foram utilizados para a formação do dendrograma, pois a extração de DNA foi insatisfatória.

A similaridade média permitiu a formação de nove grupos. O grupo 1, com cinco acessos (Pensacola, V35, V29, V31 e V66). O grupo 2, maior grupo, com 18 acessos (V2, 80N, V5, V49, 20N, 30N, V13, 95N, 17N, V10, V69, V67, 33N, 16N, V12, 69N, V47, V51). O grupo 3, segundo maior grupo, é formado por 11 acessos (André da Rocha, Bagual, V24, V50, 49N, 73N, 79N, V26, 37N, V27, 83N) e o grupo 4 é formado pelos acessos V41, V42 e 13N.

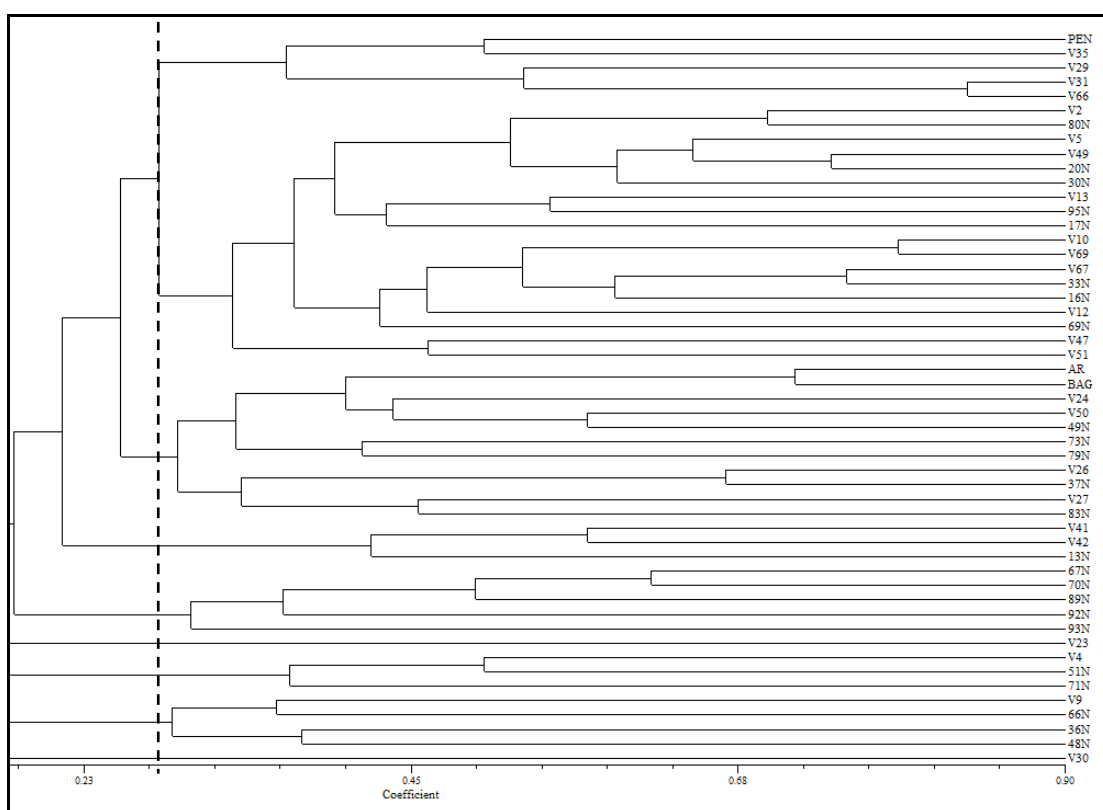


FIGURA 5 – Dendrograma obtido com base na similaridade genética de 51 acessos de *P. notatum*, utilizando-se 8 marcadores microssatélites. A linha tracejada indica a distância média e o ponto de corte no dendrograma. UFRGS, Porto Alegre, RS, 2010.

Ao grupo 5 pertencem os acessos 67N, 70N, 89N, 92N e 93N. O grupo 6 com apenas o acesso V23. No grupo 7 estão os acessos V4, 51N, 71N; o grupo 8 é formado pelos acessos V9, 66N, 36N e 48N e o grupo 9 com apenas o acesso V30.

O grupo 1, reúne a cultivar Pensacola e acessos de diferentes locais do RS, incluindo um do Uruguai. Quanto aos caracteres morfológicos, também não houve uma clara relação, onde cada acesso pertence a um grupo morfológico distinto. Entretanto, quanto à produção de MS, todos os acessos pertencem ao grupo que apresentou as menores produções acumuladas de MST e MSF.

O grupo 2 também não apresenta relação com os locais de coleta, apenas dois acessos de Capivari (RS) e três acessos de Guaíba (RS); os demais acessos foram coletados em diversas regiões do RS, além de acessos do Uruguai e Argentina. Os acessos deste grupo também não apresentaram características morfológicas semelhantes, com dez grupos morfológicos. Entretanto, os dois acessos pertencentes aos grupos morfológicos 14 (V12 e V13), bem como os grupos 15 e 16 representados pelos acessos V47 e V51, respectivamente, são pertencentes a este grupo molecular. Este grupo reúne, com exceção dos acessos 30N e 95N, genótipos que apresentam excelente produção de forragem. Os demais acessos pertencem aos dois grupos menos produtivos (g e h).

Ao grupo 3 pertencem os acessos André da Rocha e Bagual, além dos dois acessos coletados no Estado de SP, os dois de Lavras do Sul (RS); os demais acessos têm origem em diferentes locais. Quanto à produção de MS

dos acessos, com exceção de Bagual e 83N (grupo f), 49N e 73N (grupo g), os demais pertencem ao grupo com menores produções (grupo h). Dos 16 grupos morfológicos formados neste trabalho, os acessos deste grupo pertencem a oito distintos.

O grupo 4 reúne dois acessos de Arapei (Argentina) e um acesso de Vacaria. Cada acesso pertence a grupo morfológico distinto, tendo os valores de angulação de inserção das folhas e o comprimento dos racemos bastante semelhantes, 30° a $30,67^{\circ}$ e 9,87 a 9,93 cm, respectivamente. Os dois acessos de Arapei apresentam produções MS bastante semelhante, pertencentes ao grupo g, e 13N pertence ao grupo h.

O grupo 5 reúne, com exceção de 93N coletado em Bom Jesus (RS), três acessos da Argentina e um do Uruguai. A produção acumulada de MS neste grupo é variada, com acessos dos grupos f, g e h. Embora todos os acessos pertencentes a este grupo apresentam hábito ereto, estão agrupados em quatro diferentes grupos morfológicos.

O grupo 6, formado apenas pelo acesso V23, de Eldorado do Sul (RS), pertence ao grupo morfológico 5 e apresenta produção de MS semelhante à Pensacola que pertence ao grupo h.

O grupo 7, formado por três acessos, dois do RS e um da Argentina, apresenta produções de MS variada, com o acesso V4 (grupo e) com boas produções, enquanto os demais acessos pertencem ao grupo h com as menores produções acumuladas. Além disso, este grupo reúne acessos de morfologia variada, onde cada acesso pertence a um grupo morfológico distinto.

O grupo 8 é formado por três acessos da Argentina e um acesso do RS (Vale do Sol). Estes acessos pertencem a três grupos morfológicos; quanto à produção de MS, este grupo reúne o acesso com maiores produções (48N), dois acessos do grupo g e um do grupo h.

O grupo 9, formado pelo acesso V30 coletado em Bagé (RS), apresentou baixas produções de MS acumulada e pertence ao grupo morfológico 7.

A variabilidade genética encontrada neste estudo é semelhante à descrita por alguns autores que estudaram esta espécie. Steiner (2005) utilizou marcadores RAPD para discriminar 40 acessos de *P. notatum*. Este autor encontrou valores de índice de Jaccard médio de 0,26, variando de 0 a 0,80 e a formação de sete grupos distintos.

Ao comparar com outros estudos, os valores de similaridade obtidos neste estudo foram menores. Isto pode ser devido à natureza co-dominante do marcador utilizado neste trabalho, o qual oferece mais informações de polimorfismo que os dominantes.

Cidade (2006), analisando 95 acessos de *P. notatum* por meio de marcadores ISSR, detectou um amplo polimorfismo, com apenas 2,2% de fragmentos de DNA monomórficos. O coeficiente de Jaccard variou de 0,43 a 0,97, com uma média de 0,59, formando seis grupos distintos, sugerindo uma considerável variação genética dentro da espécie.

Espinoza et al. (2006), com o auxílio de marcadores AFLP, obteve valores de distância genética que variaram de 0,01 a 0,36, indicando uma diversidade genética relativamente pequena. Estes valores podem ser

resultado do número de acessos estudados, onde o autor utilizou 42 materiais, bem como a técnica escolhida, com marcador dominante.

A formação de grupos distanciados geneticamente favorece a seleção de genótipos para a formação de novas cultivares, mantendo uma elevada heterose. A relação destes grupos formados por meio de marcadores SSR com os grupos morfológicos descritos anteriormente neste trabalho e a produção de MS, pode auxiliar na escolha de progenitores com boas produções de forragem que reúnam características morfológicas desejáveis e apresentem baixa similaridade genética, aumentando assim o vigor dos materiais.

4.4 Determinação do Nível de Ploidia por Meiose

O número cromossômico foi determinado a partir de células mãe de pólen (CMP) para os 25 acessos de *P. notatum* obtidos do USDA. Os demais acessos foram previamente determinados por Dahmer et al. (2008). O número cromossômico de todos os acessos pode ser verificado na Tabela 13.

Dos 53 acessos, seis acessos são diplóides ($2n= 2x= 20$ cromossomos), a Pensacola e V12 (Dahmer et al., 2008), 66N (Figura 6-A), 67N, 87N e 92N (Figura 6-B). O acesso V12, coletado em Candói, RS foi considerado pelo autor como um escape da Pensacola. Os demais acessos, 66N, 67N e 92N são provenientes de Santa Fé, Argentina e 87N é de Paysandú, Uruguai, e podem ser considerados diplóides selvagens, já que os locais de origem dos mesmos é considerada a região de origem de *P. notatum* var. *saurae*. O acesso V9, coletado em Vale do Sol, RS é hexaplóide ($2n= 6x=$

60 cromossomos) (Dahmer et al., 2008). Os demais acessos são tetraplóides ($2n=4x=40$ cromossomos) (Figura 6-C).

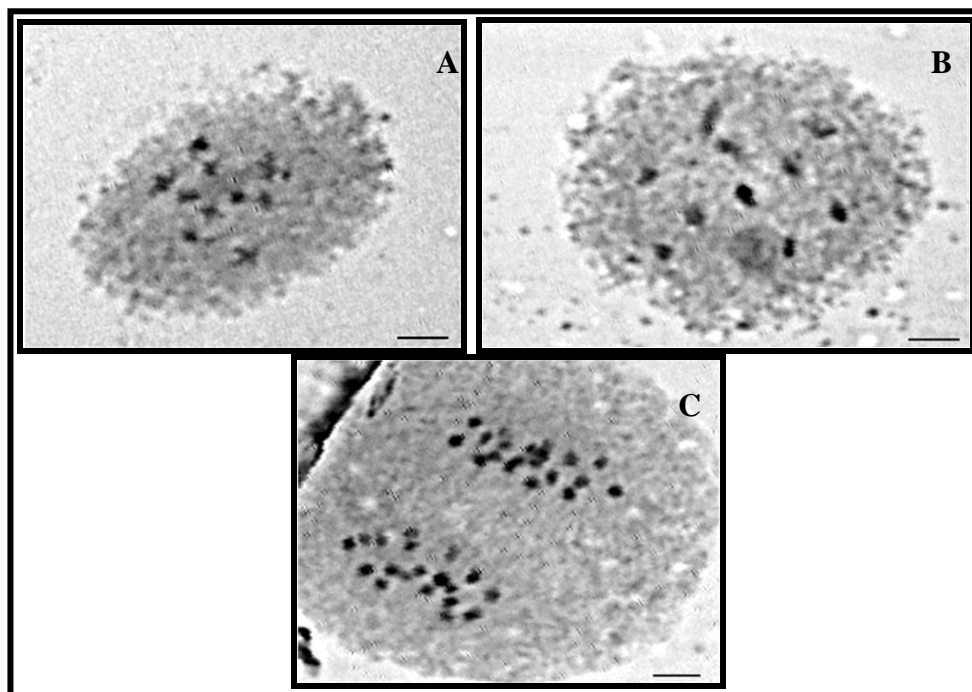


FIGURA 6 – Células meióticas. A - *P. notatum* 66N, diacinese, $n=2x=10$ cromossomos. B - *P. notatum* 92N, diacinese, $n=2x=10$ cromossomos. C - *P. notatum* 36N, anáfase I, $n=4x=20$ cromossomos. Escala: $10\mu\text{m}$. UFRGS, Porto Alegre, RS, 2010.

Comparando-se as características morfológicas dos quatro acessos diplóides encontrados neste estudo com a Pensacola, os três acessos de Santa Fé, Argentina (66N, 67N e 92N) apresentam comprimento de bainha entre 10,57 a 11,80 cm, enquanto a Pensacola possui comprimento de 6,97 cm e 87N 4,80 cm. As lâminas foliares dos três acessos diplóides de Santa Fé também apresentam maior comprimento, variando de 18,03 a 24,60 cm; Pensacola com 13,43 cm e 87N com 8,20 cm. A bainha central das lâminas foliares é esbranquiçada para todos os acessos diplóides, exceto em 87N, onde se apresentou esverdeada. Em relação ao comprimento dos racemos, a Pensacola apresentou 10,20 cm, os três acessos de Santa Fé variaram de

11,90 a 14,68 cm, e 87N apresentou valores menores, 6,10 cm. A Pensacola foi classificada como tendo hábito prostrado, enquanto que os quatro acessos foram classificados como ereto (Tabela 4).

TABELA 13 – Nível de ploidia dos acessos de *P. notatum*. UFRGS, Porto Alegre, RS, 2010.

Acesso	Ploidia
*Pensacola	2x
*André da Rocha	4x
*Bagual	4x
13N	4x
16N	4x
17N	4x
20N	4x
30N	4x
33N	4x
36N	4x
37N	4x
48N	4x
49N	4x
51N	4x
66N	2x
67N	2x
69N	4x
70N	4x
71N	4x
73N	4x
79N	4x
80N	4x
83N	4x
87N	2x
89N	4x
92N	2x
93N	4x
95N	4x
*V2	4x
*V4	4x
*V5	4x
*V9	6x
*V10	4x
*V12	2x
*V13	4x
*V23	4x
*V24	4x
*V26	4x
*V27	4x
*V29	4x
*V30	4x
*V31	4x
*V32	4x
*V35	4x
*V41	4x
*V42	4x
*V47	4x
*V49	4x
*V50	4x
*V51	4x
*V66	4x
*V67	4x
*V69	4x

*Nível de ploidia determinado por Dahmer et al. (2008).

Na formação dos grupos morfológicos (Tabela 6), Pensacola

pertence ao grupo 7, 66N no grupo 3, 67N no grupo 6, 87N no 11 e 92N no 2. Esta separação em diferentes grupos pode ser devido a maior variabilidade, já que provavelmente estes acessos são de reprodução sexual.

Na produção de MST acumulada, Pensacola e 87N ficaram agrupados juntamente com os acessos que apresentaram as menores produções (grupo h). Os genótipos 66N e 67N produziram mais MST e MSF acumulada que a Pensacola, pertencendo ao grupo g, produzindo cerca de quatro vezes mais que a cultivar. Já 92N pertence ao grupo f, produzindo cerca de sete vezes mais MST acumulada e cinco vezes mais MSF que a cultivar Pensacola (Tabela 11).

A análise molecular por SSR separou os acessos diplóides da cultivar Pensacola, que pertence ao grupo 1, 66N grupo 8 e 67N agrupou com 92N no 5. O acesso 87N não foi analisado pois a extração de DNA foi insuficiente para as análises (Figura 5).

P. notatum var *saurae* é nativa do leste da Argentina, onde é esparsamente distribuída nas Províncias de Santa Fé, Corrientes e Entre Rios (Burton, 1967). Tem folhas mais estreitas, espiguetas pequenas e mais racemos por inflorescência que os ecótipos tetraplóides (Quarin et al., 1984; Canto-Dorow, 1993). *P. notatum* var. *saurae* reúne os acessos com modo de reprodução sexual e, até o momento, todos os acessos diplóides encontrados, sejam selvagens ou cultivados, reproduzem-se sexualmente.

Estes acessos diplóides encontrados neste trabalho podem ser utilizados para a realização de cruzamentos com a Pensacola, sem a necessidade de duplicação dos cromossomos da cultivar, pois possuem o

mesmo nível de ploidia. Além disso, se for confirmado o modo de reprodução destes acessos como sexuais, pode-se utilizá-los no lugar da Pensacola no programa de melhoramento da espécie do DPFA, a fim de aumentar-se a variabilidade genética disponível para cruzamentos.

Os resultados obtidos neste estudo contribuem com o programa de melhoramento genético de *P. notatum* do DPFA da UFRGS, conferindo acessos com elevadas produções agronômicas, boa persistência às condições climáticas do sul do Brasil, além de quatro acessos diplóides, os quais podem ser utilizados para aumentar a variabilidade genética disponível para cruzamentos.

5. CONCLUSÕES

A coleção de acessos estudada apresentou variabilidade para todas as características morfológicas analisadas, com a formação de 16 grupos morfológicos.

As características morfológicas que mais contribuíram para a divergência genética foram hábito das plantas, pilosidade das bainhas e lâminas foliares.

As características que apresentaram maior variância foram angulação dos racemos, angulação de inserção das folhas e altura das hastes floríferas, representando 92,9% da variância total observada para as 14 características analisadas.

Os acessos 48N, 95N, 30N e V4 foram os acessos com maiores produções de forragem nos dois períodos de avaliação, superando em muito a cultivar Pensacola, além de terem persistido bem ao inverno.

Os marcadores SSR utilizados neste trabalho formaram nove diferentes grupos, com valores de similaridade genética variando de zero a 0,83, com média de 0,29.

Foram observados quatro acessos diplóides que podem ser utilizados como possível fonte de sexualidade.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADAMOWSKI, E.V.; PAGLIARINI, M.S.; BONATO, A.B.M. et al. Chromosome numbers and meiotic behavior of some *Paspalum* accessions. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 4, p. 773-780, 2005.

BALBINOT, N.D. **Variabilidade Citogenética em uma coleção de acessos de *Paspalum notatum* Flüggé**. 2007. 67f. Dissertação (Mestrado) – Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Faculdade de Agronomia, Porto Alegre, 2007.

BARÉA, K.; SCHEFFER-BASSO, S.M.; FAVERO, D. Desenvolvimento morfológico de *Paspalum paniculatum* L. (Poaceae). **Biotemas**, v. 19, n. 4, p. 33-39, 2006.

BARÉA, K.; SCHEFFER-BASSO, S.M.; DALL'AGNOL, M. et al. Manejo de *Paspalum dilatatum* Poir. biótipo Virassoro. 1. Produção, composição química e persistência. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, p. 992-999, 2007.

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

BLOUNT, A.R.; GATES, R.N.; PFAHLER, P.L. et al. Photoperiod response in Pensacola Bahiagrass. In: XIX International Grassland Congress. 2001. Rio de Janeiro. **Proceedings...** São Pedro, p. 487-488, 2001.

BURTON, G.W. The method of reproduction of common bahiagrass, *Paspalum notatum*. **Journal American Society of Agronomy**, Madison, v. 40, p. 443-452, 1948.

BURTON, G.W. A search for the origin of Pensacola bahiagrass. **Economic Botanic**, New York, v. 21, p. 319-382, 1967.

CANTO-DOROW, T.S. **Revisão taxonômica das espécies sul-riograndenses de *Paspalum* L. (grupo Notata) Poaceae – Paniceae, com ênfase na análise da variação intra-específica de *Paspalum notatum* Flüggé**. 1993. 172f. Dissertação (Mestrado) Programa de Pós-Graduação em

Botânica, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1993.

CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V.S. et al. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. 2.ed. Pelotas, RS: UFPel Editora Universitária, 2008. 288p.

CIDADE, F.W. **Análise da variabilidade genética de *Paspalum notatum* Flüggé (Poaceae, Panicoideae) com o uso de marcadores moleculares, morfológicos e citometria de fluxo**. 2006. 75f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Botânica, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2006.

CIDADE, F.W.; DALL`AGNOL, M.; BERED, F. et al. Genetic diversity of the complex *Paspalum notatum* Flüggé (Paniceae: Panicoideae). **Genetics Resources Crop Evolution**, Dordrecht, v. 55, p. 235-246, 2008.

COSTA, D.I.; SCHEFFER-BASSO, S.M. Caracterização morfofisiológica e agrônômica de *Paspalum dilatatum* Poir. biótipo Virassoro e *Festuca arundinaceae* Schreb. 1. Desenvolvimento morfológico. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1054-1060, 2003.

COSTA, D.I.; SCHEFFER-BASSO, S.M.; FAVERO, D. et al. Caracterização morfofisiológica e agrônômica de *Paspalum dilatatum* Poir. biótipo Virassoro e *Festuca arundinaceae* Schreb. 2. Disponibilidade de forragem e valor nutritivo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1061-1067, 2003.

CRUZ, C.D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2007.

DAHMER, N.; SCHIFINO-WITTMANN, M.T.; DALL`AGNOL, M. et al. Cytogenetic data for *Paspalum notatum* Flüggé accessions. *Scientia Agrícola*, Piracicaba, v. 65, n. 4, p. 381-388, 2008.

DALL`AGNOL, M.; GOMES, K.E. Avaliação inicial da matéria seca de espécies do gênero *Paspalum*. In: ENCONTRO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO GENÉTICO DE PASPALUM, 1987, Nova Odessa. **Anais...** Nova Odessa: IZ, p. 51-55, 1987.

DAURELIO, L.D.; ESPINOZA, F.; QUARIN, C.L.; et al. Genetic diversity in sexual diploid and apomictic tetraploid populations of *Paspalum notatum* situated in sympatry or allopatry. **Plant Systematics and Evolution**, New York, v. 244, p. 189-199, 2004.

ESPINOZA, F.; PESSINO, S.C.; QUARÍN, C.L. et al. Effect of pollination timing on the rate of apomictic reproduction revealed by RAPD markers in *Paspalum notatum*. **Annals of Botany**, New York, v. 89, p. 165-170, 2002.

ESPINOZA, F.; DAURELIO, L.D.; PESSINO, S.C.; et al.. Genetic

characterization of *Paspalum notatum* accessions by AFLP markers. **Plant Systematics and Evolution**, New York, v. 258, p. 147-159, 2006.

FALEIRO, F.G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102p.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3.ed. Brasília, DF: Embrapa Cenargem, 1998. 220p.

KÖLLIKER, R.; JONES, E.S.; DRAYTON, M.C. et al. Development and characterization of simple sequence repeat (SSR) markers for white clover (*Trifolium repens* L.). **Theoretical Applied Genetics**, Berlim, v. 102, p. 416-424, 2001.

KUBIK, C.; SAWKINS, M.; MEYER, W.A. et al. Genetic diversity in seven perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) cultivars based on SSR markers. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 1565-1572, 2001.

LASPINA, N.V.; VEGA, T.; SEIJO, J.G. et al. Gene expression analysis at the onset of aposporous apomixis in *Paspalum notatum*. **Plant Molecular Biology**, v. 68, p. 103-105, 2008.

LI, Y.C.; KOROL, A.B.; FAHIMA, T. et al. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 11, p. 2453-2465, 2002.

LIU, W.Z.; JARRET, R.L.; KRESOVICH, L. et al. Characterization and analysis of simple sequence repeat (SSR) loci in seashore paspalum (*Paspalum vaginatum* Swartz). **Theoretical and Applied Genetic**, Berlim, v. 91, n. 1, p. 47-52, 1995.

MARTINEZ, E.J.; QUARIN, C.L. Dos marcadores moleculares específicos de la apomixis em *Paspalum notatum*. **Comunicaciones Científicas y Tecnológicas**. Universidade Nacional Del Nordeste. 2000.

MISLEVI, 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.

MORAES-FERNANDES, M.I.B. **Genética e evolução do gênero *Paspalum* (Gramineae): contribuição ao estudo das espécies naturais do Rio Grande do Sul**. 1971. 193f. Tese (Doutorado) – Pós-Graduação em Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1971.

MORAES-FERNANDES, M.I.B; BARRETO, I.S.; SALZANO, F.M. et al.

Cytological and evolutionary relationships in brazilian forms of *Paspalum* (Gramineae). **Caryologia**, Firenze, v. 27, n. 4, p. 455-464. 1974.

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

NABINGER, C. Manejo e Produtividade das Pastagens Nativas do Subtrópico Brasileiro. In: SIMPÓSIO DE FORRAGEIRAS E PRODUÇÃO ANIMAL, 2006, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre, 2006. p. 25-76.

PAGLIARINI, M.S.; DEFANI, M.A.; MEIRELLES, W.F. et al. Recurrence of multiple meiotic abnormalities in maize genotypes from the same origin and their influence on productivity. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, p. 355-360, 2002.

PARODI, L.R. Contribucion al studio de las gramineas del genero *Paspalum* de La flora Uruguay. **Revista Museo de La Plata**, v. 1, p. 211-250, 1937.

PARODI, L.R. Gramíneas Argentinas nuevas o críticas. I. La Variación en *Paspalum notatum* Flüggé. **Revista Argentina de Agronomía**, v. 15, p. 53-57, 1948.

PARODI, L.R. Estudios sistemáticos sobre las Gramineae-Paniceae Argentinas y Uruguayas. **Darwiniana**, Buenos Aires, v. 15, p. 65-109, 1969.

PEREIRA, E.A. **Estudo da produção agrônômica e utilização da análise de adaptabilidade e estabilidade como critério de seleção de uma coleção de acessos de *Paspalum nicorae* Parodi**. 2009. 103f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2009.

PEREIRA, E.A.; BRANDOLI, M.A.A.; JANKE, A. et al. Rendimento de espécies nativas estivais sob diferentes níveis de nitrogênio e misturas com leguminosas. In: REUNIÓN DEL GRUPO TÉCNICO EM FORRAJERAS DEL CONO SUR, 22., 2008, Minas, Uruguay. **Memórias...** Montevidéo: Tradinco, 2008. 1 CD-ROM.

POZZOBON, M.T.; VALLS, J.F.M. Chromosome number in germoplasm accessions of *Paspalum notatum* (Gramineae). **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 20, n.1, p. 29-34, 1997.

PRATES, E.R. Efeito de nitrogênio e de intervalos de cortes sobre a produção e composição de dois ecótipos 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, 1976.

QUARIN, C.L. Effect of pollen source and pollen ploidy on endosperm formation and seed set in pseudogamous apomitic *Paspalum notatum*. **Sexual Plant Reproduction**, Berlim, v. 11, p. 331-335, 1999.

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

QUARIN, 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, p. 420-426, 1984.

QUARIN, C.L.; ESPINOZA, F.; MARTÍNEZ, E.J. et al. A rise of ploidy level induces the expression of apomixes in *Paspalum notatum*. **Sexual Plant Reproduction**, Berlim, v. 13, p. 243-249, 2001.

REIS, C. **Caracterização citogenética e morfológica de uma coleção de acessos de *Paspalum nicorae* Parodi**. 2008. 143f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2008.

REIS, C.A.O.; SCHIFINO-WITTMANN, M.T.; DALL`AGNOLL, M. Chromosome numbers, meiotic behavior and pollen fertility in a collection of *Paspalum nicorae* Parodi accessions. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, p. 212-218, 2008.

SARTOR, M.E.; QUARIN, C.L.; ESPINOZA, F. Mode of reproduction of colchicine-induced *Paspalum plicatulum* tetraploids. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1270-1276, 2009.

SAWASATO, J.T. **Caracterização agrônômica e molecular de *Paspalum urvillei* Steudel**. 2007. 109f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2007.

SAWASATO, J.T.; DALL`AGNOL, M. CONCEIÇÃO, D.P. et al. Utilização de microssatélites e RAPD na caracterização molecular de acessos de *Paspalum urvillei* Steudel. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 8, p. 1366-1374, 2008.

SCHEFFER-BASSO, S.M.; GALLO, M.M. Aspectos morfofisiológicos e bromatológicos de *Paspalum plicatulum*. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 10, p. 1758-1762, 2008.

SCHEFFER-BASSO, S.M.; RODRIGUES, G.L.; BORDIGNON, M.V. Caracterização morfofisiológica e anatômica de *Paspalum urvillei* (Steudel). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, n. 4, p. 1674-1679, 2002.

SIMIONI, C.; VALLE, C.B. Chromosome duplication in *Brachiaria* (A. Rich.) Stapf allows intraspecific crosses. **Croop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, p. 328-334, 2009.

SINCLAIR, T.R.; MISLEVY, P.; RAY, J.D. Short photoperiod inhibits winter growth of subtropical grasses. **Planta**, Heidelberg, v. 213, p. 488-491, 2001.

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

STEINER, M.G. **Caracterização agrônômica, molecular e morfológica de acessos de *Paspalum notatum* Flüggé e *Paspalum guenoarum* Arech.** 2005. 138f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2005.

STRECK, E.V. et al. **Solos do Rio Grande do Sul.** Porto Alegre: EMATER/RS; UFRGS, 2002, 128p.

TÓTH, G.; GÁSPÁRI, Z.; JURKA, J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. **Genome Research**, New York, v. 10, n. 7, p. 967-981, 2000.

TOWNSEND, C. **Características produtivas de gramíneas nativas do gênero *Paspalum*, em resposta a disponibilidade de nitrogênio.** 2008. 255f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2008.

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, 1987. p. 15-21.

WANG, M.L.; CHEN, Z.B.; BARKLEY, N.A. et al. Characterization of seashore paspalum (*Paspalum vaginatum* Swartz) germplasm by transferred SSRs from wheat, maize and sorghum. **Genetic resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, p. 779-791, 2006.

7. APÊNDICES

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

ESTIMATIVAS DAS DISTÂNCIAS - MAHALANOBIS

GENÓTIPOS E DISTÂNCIAS

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 1

(5) 72,397735	(2) 23,527171	(3) 57,29137	(4) 68,031698
(9) 53,294916	(6) 73,59301	(7) 23,907001	(8) 61,039068
(13) 23,12455	(10) 123,005445	(11) 16,700367	(12) 80,244929
(17) 11,938216	(14) 27,324566	(15) 63,132508	(16) 11,613694
(21) 69,953416	(18) 26,151988	(19) 21,368749	(20) 9,16121
(25) 68,915297	(22) 23,367866	(23) 329,988416	(24) 112,282313
(29) 62,215533	(26) 22,921132	(27) 57,697226	(28) 84,062015
(33) 86,551383	(30) 56,367251	(31) 72,1291	(32) 106,064187
(37) 43,285349	(34) 15,44381	(35) 56,896506	(36) 27,284588
(41) 50,151071	(38) 13,000375	(39) 68,554254	(40) 52,645685
(45) 83,013439	(42) 76,110416	(43) 104,444337	(44) 18,643665
(49) 127,467345	(46) 86,873449	(47) 6,804381	(48) 67,109912
(53) 59,024029	(50) 73,555044	(51) 72,418961	(52) 79,527654

MAIOR DISTÂNCIA : 329,988416
MENOR DISTÂNCIA : 6,804381

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 47

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 2

(1) 23,527171	(6) 48,219011	(3) 46,384096	(4) 43,681525
(5) 57,730737	(10) 74,815291	(7) 12,77407	(8) 25,359146
(9) 36,886872	(14) 23,787552	(11) 26,809326	(12) 42,449041
(13) 31,284404	(18) 25,65952	(15) 25,712271	(16) 15,009839
(17) 15,748618	(22) 14,677805	(19) 13,152583	(20) 22,498487
(21) 37,835147	(26) 34,20142	(23) 328,612418	(24) 100,318926
(25) 43,536166	(30) 27,439514	(27) 28,960107	(28) 34,936224
(29) 46,731931	(34) 18,402546	(31) 34,471482	(32) 54,122707
(33) 77,115622	(38) 17,884234	(35) 44,908747	(36) 33,880734
(37) 52,256298	(42) 33,847351	(39) 30,190352	(40) 50,995457
(41) 45,390502	(46) 42,895112	(43) 71,025808	(44) 14,650961
(45) 78,878468	(50) 30,427611	(47) 14,950234	(48) 57,559531
(49) 70,267143		(51) 78,553187	(52) 39,993424
(53) 51,331137			

MAIOR DISTÂNCIA : 328,612418
MENOR DISTÂNCIA : 12,77407

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 7

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 3

(1) 57,29137	(2) 46,384096	(4) 34,252557	(3) 43,997753
(5) 21,054704	(6) 78,963786	(8) 25,488809	(7) 85,695252
(9) 17,486898	(10) 109,752075	(12) 41,93185	(11) 25,213101
(13) 93,708928	(14) 89,18105	(16) 71,89699	(15) 77,284274
(17) 66,302441	(18) 92,324114	(20) 60,644099	(19) 405,940336
(21) 16,305102	(22) 88,732972	(24) 145,453393	(23) 21,132076
(25) 17,805149	(26) 85,50799	(28) 40,826971	(27) 24,128813
(29) 25,619202	(30) 15,479432	(32) 58,699779	(31) 8,33414
(33) 17,595106	(34) 75,349871	(36) 96,973631	(35) 19,633521
(37) 18,087825	(38) 66,137208	(40) 7,78863	(39) 45,046745
(41) 15,202585	(42) 38,195178	(44) 75,468946	(43) 59,828796
(45) 142,514597	(46) 44,812223	(48) 29,051601	(47) 24,458109
(49) 80,751768	(50) 41,15551	(52) 44,361195	(51) 11,39726
(53) 11,39726			

MAIOR DISTÂNCIA : 405,940336
MENOR DISTÂNCIA : 7,78863

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 40

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 4

(1) 68,031698	(2) 43,681525	(3) 34,252557	(4) 28,22916
(5) 59,045444	(6) 73,768359	(7) 47,658634	(8) 32,244643
(9) 21,721978	(10) 102,959354	(11) 71,408776	(12) 61,770991
(13) 69,378994	(14) 75,479342	(15) 22,944504	(16) 73,501013
(17) 70,498555	(18) 93,887316	(19) 78,679204	(20) 167,796911
(21) 28,527487	(22) 65,497664	(23) 378,673438	(24) 28,863577
(25) 21,122995	(26) 117,16726	(27) 15,455923	(28) 45,560248
(29) 8,506784	(30) 16,440267	(31) 24,849031	(32) 73,402222
(33) 44,151045	(34) 76,246028	(35) 30,893043	

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(37) 52,103386	(38) 85,764436	(39) 23,829191	(40) 26,521764
(41) 20,204242	(42) 19,004699	(43) 54,375289	(44) 67,910313
(45) 188,217496	(46) 38,363764	(47) 73,353445	(48) 31,728868
(49) 49,424869	(50) 22,471915	(51) 33,963187	(52) 33,490297
(53) 31,880468			

MAIOR DISTÂNCIA : 378,673438	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 8,506784	GENÓTIPO : 29

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 5

(1) 72,397735	(2) 57,730737	(3) 21,054704	(4) 59,045444
(9) 35,733443	(6) 127,181552	(7) 61,746583	(8) 37,781295
(13) 131,368678	(10) 134,162997	(11) 113,693213	(12) 72,906151
(17) 75,329121	(14) 119,881674	(15) 27,688567	(16) 93,557013
(21) 36,561736	(18) 96,065261	(19) 79,167751	(20) 64,507407
(25) 35,81886	(22) 103,394518	(23) 497,509062	(24) 166,643713
(29) 53,23652	(26) 102,515153	(27) 24,652174	(28) 55,245217
(33) 34,036679	(30) 32,657277	(31) 30,975883	(32) 106,80371
(37) 19,835423	(34) 69,319277	(35) 17,480071	(36) 138,397651
(41) 40,717099	(38) 86,347152	(39) 35,356946	(40) 23,460407
(45) 144,796207	(42) 63,388139	(43) 35,24653	(44) 82,608189
(49) 126,21139	(46) 70,141299	(47) 70,567058	(48) 53,320649
(53) 22,740382	(50) 66,563393	(51) 42,688981	(52) 85,772685

MAIOR DISTÂNCIA : 497,509062	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 17,480071	GENÓTIPO : 35

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 6

(1) 73,59301	(2) 48,219011	(3) 78,963786	(4) 73,768359
(5) 127,181552	(10) 32,174805	(7) 54,174104	(8) 67,898089
(9) 73,529957	(14) 74,149816	(11) 76,33961	(12) 65,156492
(13) 70,163177	(18) 98,035009	(15) 72,343789	(16) 53,778409
(17) 70,191667	(22) 67,175418	(19) 74,409896	(20) 87,72992
(21) 60,740217	(26) 65,303711	(23) 226,775406	(24) 137,423196
(25) 61,564063	(30) 62,310053	(27) 72,719027	(28) 67,879238
(29) 63,709718	(34) 88,409106	(31) 67,266483	(32) 47,564054
(33) 97,529731	(38) 68,918624	(35) 83,627821	(36) 68,24818
(37) 97,987689	(42) 54,366132	(39) 62,035079	(40) 84,646812
(41) 71,81566	(46) 62,627003	(43) 116,632651	(44) 69,893189
(45) 94,909158	(50) 63,949519	(47) 68,144704	(48) 72,260318
(49) 84,314027		(51) 108,908349	(52) 63,947853
(53) 84,288218			

MAIOR DISTÂNCIA : 226,775406	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 32,174805	GENÓTIPO : 10

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 7

(1) 23,907001	(2) 12,77407	(3) 43,997753	(4) 47,658634
(5) 61,746583	(6) 54,174104	(11) 38,588938	(8) 45,021363
(9) 44,120411	(10) 80,949585	(15) 34,224714	(12) 31,60969
(13) 42,657591	(14) 35,901926	(19) 15,542112	(16) 20,598452
(17) 10,488035	(18) 23,1796	(23) 330,463535	(20) 28,178542
(21) 35,635722	(22) 24,210514	(27) 36,692764	(24) 94,966912
(25) 43,477104	(26) 37,496507	(31) 42,870406	(28) 40,433228
(29) 45,056883	(30) 39,681943	(35) 52,639636	(32) 53,4616
(33) 66,980325	(34) 18,381122	(39) 42,617917	(36) 31,669892
(37) 39,819596	(38) 22,419352	(43) 77,917225	(40) 48,12391
(41) 42,460974	(42) 38,399181	(47) 20,296863	(44) 16,160083
(45) 75,417418	(46) 37,608256	(51) 65,889943	(48) 47,655829
(49) 64,050035	(50) 55,145067		(52) 42,449942
(53) 56,920634			

MAIOR DISTÂNCIA : 330,463535	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 10,488035	GENÓTIPO : 17

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 8

(1) 61,039068	(2) 25,359146	(3) 25,488809	(4) 28,22916
(5) 37,781295	(6) 67,898089	(7) 45,021363	
(9) 23,08902	(10) 93,737851	(11) 63,476491	(12) 40,491258
(13) 70,29055	(14) 67,015328	(15) 8,432496	(16) 55,935526

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(17) 60,438001	(18) 70,172777	(19) 54,780827	(20) 55,949361
(21) 23,016364	(22) 56,031758	(23) 393,776486	(24) 140,897369
(25) 27,334232	(26) 76,573689	(27) 9,39272	(28) 21,601489
(29) 33,098913	(30) 4,927056	(31) 14,596939	(32) 47,215935
(33) 60,018567	(34) 61,089932	(35) 18,077758	(36) 83,218434
(37) 55,544846	(38) 56,039664	(39) 8,032381	(40) 32,232098
(41) 31,298651	(42) 20,824626	(43) 57,833791	(44) 62,151479
(45) 133,078955	(46) 33,264302	(47) 52,308276	(48) 49,496505
(49) 67,549689	(50) 11,162907	(51) 64,249267	(52) 26,758735
(53) 25,314079			

MAIOR DISTÂNCIA : 393,776486 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 4,927056 GENÓTIPO : 30

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 9

(1) 53,294916	(2) 36,886872	(3) 17,486898	(4) 21,721978
(5) 35,733443	(6) 73,529957	(7) 44,120411	(8) 23,08902
	(10) 93,165638	(11) 60,807105	(12) 26,542297
(13) 64,966935	(14) 63,606347	(15) 26,252997	(16) 55,927661
(17) 61,679853	(18) 87,08791	(19) 74,397235	(20) 67,132211
(21) 26,521263	(22) 67,933249	(23) 391,231904	(24) 163,246158
(25) 25,507962	(26) 91,220527	(27) 18,29826	(28) 31,831526
(29) 18,500008	(30) 12,631481	(31) 29,132981	(32) 47,994521
(33) 43,376018	(34) 73,829897	(35) 23,825777	(36) 68,262205
(37) 38,46824	(38) 70,370882	(39) 28,582801	(40) 15,282277
(41) 10,860632	(42) 24,35612	(43) 58,385717	(44) 59,046345
(45) 170,811799	(46) 36,992049	(47) 60,300666	(48) 23,664104
(49) 63,759064	(50) 19,1884	(51) 38,211372	(52) 29,051086
(53) 26,643381			

MAIOR DISTÂNCIA : 391,231904 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 10,860632 GENÓTIPO : 41

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 10

(1) 123,005445	(2) 74,815291	(3) 109,752075	(4) 102,959354
(5) 134,162997	(6) 32,174805	(7) 80,949585	(8) 93,737851
(9) 93,165638		(11) 120,133037	(12) 80,866224
(13) 117,901702	(14) 102,236628	(15) 90,295664	(16) 99,52444
(17) 103,399922	(18) 117,147619	(19) 104,027685	(20) 126,330666
(21) 91,569956	(22) 105,889187	(23) 272,128326	(24) 171,458537
(25) 99,690687	(26) 93,420646	(27) 94,703575	(28) 81,633328
(29) 101,259429	(30) 91,882054	(31) 94,747829	(32) 80,00045
(33) 138,28812	(34) 120,391564	(35) 116,623709	(36) 111,587173
(37) 130,92583	(38) 109,639403	(39) 95,060825	(40) 116,767748
(41) 106,923174	(42) 80,139528	(43) 120,651907	(44) 91,993799
(45) 99,915942	(46) 79,782224	(47) 109,128537	(48) 106,263319
(49) 94,96599	(50) 84,531072	(51) 144,773011	(52) 79,428862
(53) 121,819618			

MAIOR DISTÂNCIA : 272,128326 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 32,174805 GENÓTIPO : 6

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 11

(1) 16,700367	(2) 26,809326	(3) 85,695252	(4) 71,408776
(5) 113,693213	(6) 76,33961	(7) 38,588938	(8) 63,476491
(9) 60,807105	(10) 120,133037		(12) 78,665616
(13) 2,426868	(14) 5,764088	(15) 76,642406	(16) 11,600762
(17) 22,75895	(18) 28,492719	(19) 28,323669	(20) 25,352621
(21) 93,038069	(22) 12,815665	(23) 310,407661	(24) 127,389695
(25) 98,407029	(26) 32,512904	(27) 72,38963	(28) 82,585407
(29) 80,229185	(30) 63,310348	(31) 91,406288	(32) 101,861613
(33) 135,41846	(34) 32,301754	(35) 87,55291	(36) 11,029714
(37) 91,215698	(38) 20,928595	(39) 83,552513	(40) 84,110565
(41) 71,320673	(42) 74,951368	(43) 145,537806	(44) 21,792842
(45) 109,086894	(46) 90,228402	(47) 19,250757	(48) 94,815993
(49) 106,464213	(50) 58,649961	(51) 115,549847	(52) 61,385248
(53) 94,33034			

MAIOR DISTÂNCIA : 310,407661 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 2,426868 GENÓTIPO : 13

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 12

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(1) 80,244929	(2) 42,449041	(3) 41,93185	(4) 32,244643
(5) 72,906151	(6) 65,156492	(7) 31,60969	(8) 40,491258
(9) 26,542297	(10) 80,866224	(11) 78,665616	
(13) 80,047814	(14) 73,15243	(15) 31,075943	(16) 65,631118
(17) 59,418003	(18) 87,730613	(19) 70,579374	(20) 92,190011
(21) 21,478232	(22) 63,916114	(23) 370,697445	(24) 148,128497
(25) 35,614652	(26) 107,239196	(27) 30,825548	(28) 19,293001
(29) 32,202656	(30) 26,797673	(31) 34,643292	(32) 21,602647
(33) 64,223546	(34) 80,49342	(35) 59,737249	(36) 67,461407
(37) 66,006319	(38) 84,204966	(39) 35,189452	(40) 50,235682
(41) 37,224193	(42) 13,162536	(43) 81,467115	(44) 59,607557
(45) 168,164231	(46) 16,666423	(47) 79,986011	(48) 34,384642
(49) 27,869805	(50) 33,931216	(51) 72,037626	(52) 17,56352
(53) 67,266058			

MAIOR DISTÂNCIA : 370,697445
 MENOR DISTÂNCIA : 13,162536

GENÓTIPO : 23
 GENÓTIPO : 42

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 13

(1) 23,12455	(2) 31,284404	(3) 93,708928	(4) 69,378994
(5) 131,368678	(6) 70,163177	(7) 42,657591	(8) 70,29055
(9) 64,966935	(10) 117,901702	(11) 2,426868	(12) 80,047814
	(14) 6,572009	(15) 84,108668	(16) 12,932072
(17) 30,857706	(18) 36,720365	(19) 37,580159	(20) 35,490761
(21) 98,962721	(22) 17,203978	(23) 290,714448	(24) 134,217516
(25) 100,812442	(26) 41,402113	(27) 79,441216	(28) 86,742409
(29) 77,839565	(30) 69,243886	(31) 97,977632	(32) 95,779012
(33) 141,401208	(34) 42,74544	(35) 95,662692	(36) 6,892096
(37) 101,837129	(38) 26,920654	(39) 89,601845	(40) 89,021296
(41) 72,18121	(42) 75,623624	(43) 152,991997	(44) 27,573103
(45) 120,803091	(46) 92,018122	(47) 26,166519	(48) 94,669572
(49) 100,896757	(50) 59,207139	(51) 117,521724	(52) 60,633267
(53) 100,08937			

MAIOR DISTÂNCIA : 290,714448
 MENOR DISTÂNCIA : 2,426868

GENÓTIPO : 23
 GENÓTIPO : 11

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 14

(1) 27,324566	(2) 23,787552	(3) 89,18105	(4) 75,479342
(5) 119,881674	(6) 74,149816	(7) 35,901926	(8) 67,015328
(9) 63,606347	(10) 102,236628	(11) 5,764088	(12) 73,15243
(13) 6,572009		(15) 79,539889	(16) 16,961441
(17) 25,975234	(18) 27,207538	(19) 29,803454	(20) 32,868886
(21) 94,0351	(22) 16,420766	(23) 301,091775	(24) 120,624917
(25) 104,129232	(26) 33,941695	(27) 78,737028	(28) 79,100873
(29) 87,273371	(30) 68,02392	(31) 95,484895	(32) 93,044857
(33) 142,691236	(34) 39,012644	(35) 96,450698	(36) 10,951184
(37) 101,251424	(38) 21,873393	(39) 85,978438	(40) 93,323691
(41) 79,400911	(42) 74,251779	(43) 142,526222	(44) 20,071428
(45) 103,128987	(46) 84,327633	(47) 24,907962	(48) 102,708296
(49) 90,30652	(50) 55,346603	(51) 125,464937	(52) 52,41053
(53) 104,552229			

MAIOR DISTÂNCIA : 301,091775
 MENOR DISTÂNCIA : 5,764088

GENÓTIPO : 23
 GENÓTIPO : 11

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 15

(1) 63,132508	(2) 25,712271	(3) 25,213101	(4) 22,944504
(5) 27,688567	(6) 72,343789	(7) 34,224714	(8) 8,432496
(9) 26,252997	(10) 90,295664	(11) 76,642406	(12) 31,075943
(13) 84,108668	(14) 79,539889		(16) 59,036727
(17) 52,259563	(18) 67,373005	(19) 50,470935	(20) 54,025885
(21) 13,759663	(22) 57,890411	(23) 407,09333	(24) 136,057915
(25) 18,247883	(26) 86,092786	(27) 3,162191	(28) 17,137903
(29) 24,555714	(30) 7,924114	(31) 8,089099	(32) 49,088454
(33) 44,473565	(34) 50,771047	(35) 17,403388	(36) 90,393571
(37) 37,971095	(38) 62,119529	(39) 7,224624	(40) 26,876707
(41) 28,123667	(42) 19,098317	(43) 34,656953	(44) 55,263377
(45) 127,078358	(46) 31,911433	(47) 53,225599	(48) 33,740199
(49) 67,057776	(50) 24,849055	(51) 48,260228	(52) 37,06138
(53) 25,232014			

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

MAIOR DISTÂNCIA : 407,09333 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 3,162191 GENÓTIPO : 27

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 16

(1) 11,613694	(2) 15,009839	(3) 71,89699	(4) 61,770991
(5) 93,557013	(6) 53,778409	(7) 20,598452	(8) 55,935526
(9) 55,927661	(10) 99,52444	(11) 11,600762	(12) 65,631118
(13) 12,932072	(14) 16,961441	(15) 59,036727	
(17) 10,807229	(18) 27,301578	(19) 13,972536	(20) 20,518863
(21) 68,758033	(22) 8,789211	(23) 296,798712	(24) 102,915181
(25) 66,323114	(26) 29,085992	(27) 54,679917	(28) 59,703783
(29) 62,00456	(30) 52,960732	(31) 62,739832	(32) 74,107078
(33) 100,351187	(34) 20,347872	(35) 70,436596	(36) 16,705736
(37) 66,11749	(38) 17,931815	(39) 65,069922	(40) 68,591023
(41) 61,777057	(42) 55,056149	(43) 110,343362	(44) 9,746276
(45) 87,359869	(46) 64,419022	(47) 8,873118	(48) 71,51275
(49) 90,528561	(50) 57,772575	(51) 96,925532	(52) 61,283378
(53) 72,913366			

MAIOR DISTÂNCIA : 296,798712 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 8,789211 GENÓTIPO : 22

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 17

(1) 11,938216	(2) 15,748618	(3) 66,302441	(4) 70,498555
(5) 75,329121	(6) 70,191667	(7) 10,488035	(8) 60,438001
(9) 61,679853	(10) 103,399922	(11) 22,75895	(12) 59,418003
(13) 30,857706	(14) 25,975234	(15) 52,259563	(16) 10,807229
	(18) 15,363601	(19) 5,425495	(20) 12,355213
(21) 59,555166	(22) 11,746842	(23) 329,248324	(24) 91,158925
(25) 69,156711	(26) 24,68849	(27) 52,550535	(28) 62,310595
(29) 68,960468	(30) 55,615605	(31) 62,450612	(32) 89,02416
(33) 93,7839	(34) 7,125665	(35) 69,109303	(36) 29,411694
(37) 50,598771	(38) 15,201011	(39) 63,54983	(40) 68,583617
(41) 65,829824	(42) 61,923552	(43) 96,626419	(44) 4,594405
(45) 66,778043	(46) 67,319037	(47) 8,618238	(48) 70,32835
(49) 101,538562	(50) 73,609739	(51) 92,060808	(52) 68,593612
(53) 76,944914			

MAIOR DISTÂNCIA : 329,248324 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 4,594405 GENÓTIPO : 44

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 18

(1) 26,151988	(2) 25,65952	(3) 92,324114	(4) 93,887316
(5) 96,065261	(6) 98,035009	(7) 23,1796	(8) 70,172777
(9) 87,08791	(10) 117,147619	(11) 28,492719	(12) 87,730613
(13) 36,720365	(14) 27,207538	(15) 67,373005	(16) 27,301578
(17) 15,363601		(19) 11,593203	(20) 18,494086
(21) 95,085654	(22) 22,944219	(23) 358,467005	(24) 107,960665
(25) 107,401365	(26) 21,318447	(27) 74,589663	(28) 88,483854
(29) 101,160435	(30) 79,593833	(31) 93,654761	(32) 123,034347
(33) 142,383461	(34) 11,534339	(35) 91,001236	(36) 34,684073
(37) 82,127694	(38) 12,115209	(39) 87,48583	(40) 93,641998
(41) 87,472959	(42) 92,37749	(43) 130,133857	(44) 20,917146
(45) 54,740498	(46) 93,34309	(47) 16,564837	(48) 108,075624
(49) 123,504875	(50) 87,528416	(51) 120,321151	(52) 78,460217
(53) 99,655636			

MAIOR DISTÂNCIA : 358,467005 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 11,534339 GENÓTIPO : 34

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 19

(1) 21,368749	(2) 13,152583	(3) 77,284274	(4) 78,679204
(5) 79,167751	(6) 74,409896	(7) 15,542112	(8) 54,780827
(9) 74,397235	(10) 104,027685	(11) 28,323669	(12) 70,579374
(13) 37,580159	(14) 29,803454	(15) 50,470935	(16) 13,972536
(17) 5,425495	(18) 11,593203		(20) 15,34768
(21) 66,963349	(22) 9,579335	(23) 342,664981	(24) 89,580325
(25) 75,995413	(26) 23,888491	(27) 53,718303	(28) 58,739132
(29) 83,69163	(30) 58,164898	(31) 60,530432	(32) 91,020285
(33) 109,524466	(34) 6,310824	(35) 74,626683	(36) 38,808398
(37) 66,90355	(38) 15,53242	(39) 61,566534	(40) 83,390489

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(41) 82,263887 (42) 63,363494 (43) 104,606856 (44) 9,331067
 (45) 57,454086 (46) 65,867171 (47) 10,445474 (48) 92,302651
 (49) 101,145304 (50) 71,262009 (51) 113,815646 (52) 70,588349
 (53) 82,882929

MAIOR DISTÂNCIA : 342,664981 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 5,425495 GENÓTIPO : 17

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 20

(1) 9,16121 (2) 22,498487 (3) 60,644099 (4) 73,501013
 (5) 64,507407 (6) 87,72992 (7) 28,178542 (8) 55,949361
 (9) 67,132211 (10) 126,330666 (11) 25,352621 (12) 92,190011
 (13) 35,490761 (14) 32,868886 (15) 54,025885 (16) 20,518863
 (17) 12,355213 (18) 18,494086 (19) 15,34768
 (21) 71,659485 (22) 25,619019 (23) 352,466747 (24) 102,971693
 (25) 75,776665 (26) 21,858856 (27) 54,556088 (28) 82,75692
 (29) 73,990157 (30) 56,837182 (31) 68,808029 (32) 122,457446
 (33) 92,316455 (34) 9,424197 (35) 53,6352 (36) 46,49202
 (37) 44,415666 (38) 10,788146 (39) 63,53762 (40) 59,698897
 (41) 64,25029 (42) 84,243819 (43) 88,986548 (44) 19,499921
 (45) 63,361508 (46) 97,361398 (47) 5,047434 (48) 81,281758
 (49) 137,107055 (50) 77,883549 (51) 80,121917 (52) 87,159427
 (53) 61,256276

MAIOR DISTÂNCIA : 352,466747 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 5,047434 GENÓTIPO : 47

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 21

(1) 69,953416 (2) 37,835147 (3) 16,305102 (4) 28,527487
 (5) 36,561736 (6) 60,740217 (7) 35,635722 (8) 23,016364
 (9) 26,521263 (10) 91,569956 (11) 93,038069 (12) 21,478232
 (13) 98,962721 (14) 94,0351 (15) 13,759663 (16) 68,758033
 (17) 59,555166 (18) 95,085654 (19) 66,963349 (20) 71,659485
 (22) 73,788383 (23) 382,052245 (24) 131,09934
 (25) 8,179037 (26) 98,121389 (27) 12,846057 (28) 21,587151
 (29) 19,318482 (30) 11,09669 (31) 9,094421 (32) 31,546009
 (33) 23,383108 (34) 71,695371 (35) 20,478199 (36) 98,703954
 (37) 33,244735 (38) 75,871601 (39) 7,652659 (40) 26,199397
 (41) 27,186916 (42) 15,349412 (43) 35,415952 (44) 64,773872
 (45) 144,619707 (46) 23,090918 (47) 68,189651 (48) 23,513942
 (49) 61,359839 (50) 35,030535 (51) 42,739171 (52) 37,26852
 (53) 26,522901

MAIOR DISTÂNCIA : 382,052245 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 7,652659 GENÓTIPO : 39

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 22

(1) 23,367866 (2) 14,677805 (3) 88,732972 (4) 65,497664
 (5) 103,394518 (6) 67,175418 (7) 24,210514 (8) 56,031758
 (9) 67,933249 (10) 105,889187 (11) 12,815665 (12) 63,916114
 (13) 17,203978 (14) 16,420766 (15) 57,890411 (16) 8,789211
 (17) 11,746842 (18) 22,944219 (19) 9,579335 (20) 25,619019
 (21) 73,788383 (22) 318,770138 (23) 318,770138 (24) 108,319713
 (25) 81,238072 (26) 37,713499 (27) 57,175149 (28) 58,325372
 (29) 76,722282 (30) 55,99101 (31) 67,308577 (32) 82,286322
 (33) 123,707626 (34) 17,043391 (35) 86,934302 (36) 20,887585
 (37) 87,253652 (38) 24,906433 (39) 65,570179 (40) 91,222365
 (41) 80,624311 (42) 55,213013 (43) 124,884147 (44) 10,990209
 (45) 93,956686 (46) 66,824025 (47) 19,03369 (48) 93,334555
 (49) 87,632512 (50) 56,563865 (51) 121,824049 (52) 60,550091
 (53) 94,996865

MAIOR DISTÂNCIA : 318,770138 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 8,789211 GENÓTIPO : 16

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 23

(1) 329,988416 (2) 328,612418 (3) 405,940336 (4) 378,673438
 (5) 497,509062 (6) 226,775406 (7) 330,463535 (8) 393,776486
 (9) 391,231904 (10) 272,128326 (11) 310,407661 (12) 370,697445
 (13) 290,714448 (14) 301,091775 (15) 407,09333 (16) 296,798712
 (17) 329,248324 (18) 358,467005 (19) 342,664981 (20) 352,466747

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(21) 382,052245	(22) 318,770138	(24) 167,626702
(25) 385,622956	(26) 299,731054	(27) 404,439055
(29) 364,881475	(30) 383,447942	(31) 401,347477
(33) 433,190044	(34) 367,910903	(35) 414,05951
(37) 421,933029	(38) 319,329088	(39) 389,471855
(41) 383,776752	(42) 362,796359	(43) 448,320872
(45) 327,90798	(46) 372,433824	(47) 327,862447
(49) 375,44002	(50) 368,644727	(51) 429,508402
(53) 413,343332		(52) 350,699323

MAIOR DISTÂNCIA : 497,509062	GENÓTIPO : 5
MENOR DISTÂNCIA : 167,626702	GENÓTIPO : 24

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 24

(1) 112,282313	(2) 100,318926	(3) 145,453393	(4) 167,796911
(5) 166,643713	(6) 137,423196	(7) 94,966912	(8) 140,897369
(9) 163,246158	(10) 171,458537	(11) 127,389695	(12) 148,128497
(13) 134,217516	(14) 120,624917	(15) 136,057915	(16) 102,915181
(17) 91,158925	(18) 107,960665	(19) 89,580325	(20) 102,971693
(21) 131,09934	(22) 108,319713	(23) 167,626702	
(25) 146,2367	(26) 102,689483	(27) 140,590805	(28) 138,646734
(29) 161,645444	(30) 139,511729	(31) 136,553328	(32) 151,458712
(33) 170,815907	(34) 105,85565	(35) 148,736501	(36) 135,015931
(37) 142,41509	(38) 96,864081	(39) 135,751474	(40) 162,534086
(41) 166,674707	(42) 141,667701	(43) 165,927973	(44) 94,864467
(45) 123,234482	(46) 136,39773	(47) 96,648776	(48) 164,862902
(49) 174,740756	(50) 159,392936	(51) 190,57952	(52) 145,130409
(53) 157,632748			

MAIOR DISTÂNCIA : 190,57952	GENÓTIPO : 51
MENOR DISTÂNCIA : 89,580325	GENÓTIPO : 19

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 25

(1) 68,915297	(2) 43,536166	(3) 17,805149	(4) 21,122995
(5) 35,81886	(6) 61,564063	(7) 43,477104	(8) 27,334232
(9) 25,507962	(10) 99,690687	(11) 98,407029	(12) 35,614652
(13) 100,812442	(14) 104,129232	(15) 18,247883	(16) 66,323114
(17) 69,156711	(18) 107,401365	(19) 75,995413	(20) 75,776665
(21) 8,179037	(22) 81,238072	(23) 385,622956	(24) 146,2367
	(26) 109,469271	(27) 12,076089	(28) 25,090541
(29) 11,085204	(30) 14,288193	(31) 7,105192	(32) 34,590837
(33) 13,029296	(34) 77,121726	(35) 15,425725	(36) 102,319057
(37) 28,274823	(38) 85,018025	(39) 11,954654	(40) 17,470665
(41) 21,209557	(42) 18,060707	(43) 31,679582	(44) 72,305049
(45) 160,84814	(46) 28,118559	(47) 69,472536	(48) 19,79524
(49) 66,620091	(50) 37,825444	(51) 29,678378	(52) 49,99953
(53) 14,332352			

MAIOR DISTÂNCIA : 385,622956	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 7,105192	GENÓTIPO : 31

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 26

(1) 22,921132	(2) 34,20142	(3) 85,50799	(4) 117,16726
(5) 102,515153	(6) 65,303711	(7) 37,496507	(8) 76,573689
(9) 91,220527	(10) 93,420646	(11) 32,512904	(12) 107,239196
(13) 41,402113	(14) 33,941695	(15) 86,092786	(16) 29,085992
(17) 24,68849	(18) 21,318447	(19) 23,888491	(20) 21,858856
(21) 98,121389	(22) 37,713499	(23) 299,731054	(24) 102,689483
(25) 109,469271		(27) 90,079608	(28) 105,64327
(29) 112,161148	(30) 84,52711	(31) 101,420352	(32) 125,787359
(33) 136,576263	(34) 29,146421	(35) 87,794279	(36) 45,600238
(37) 82,22987	(38) 9,270838	(39) 92,308794	(40) 94,294463
(41) 92,691717	(42) 105,712359	(43) 141,501537	(44) 32,733875
(45) 28,855495	(46) 105,159616	(47) 15,26726	(48) 113,671328
(49) 148,118843	(50) 96,524832	(51) 128,77571	(52) 90,796667
(53) 94,772417			

MAIOR DISTÂNCIA : 299,731054	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 9,270838	GENÓTIPO : 38

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 27

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(1) 57,697226	(2) 28,960107	(3) 21,132076	(4) 15,455923
(5) 24,652174	(6) 72,719027	(7) 36,692764	(8) 9,39272
(9) 18,29826	(10) 94,703575	(11) 72,38963	(12) 30,825548
(13) 79,441216	(14) 78,737028	(15) 3,162191	(16) 54,679917
(17) 52,550535	(18) 74,589663	(19) 53,718303	(20) 54,556088
(21) 12,846057	(22) 57,175149	(23) 404,439055	(24) 140,590805
(25) 12,076089	(26) 90,079608		(28) 15,579298
(29) 16,578292	(30) 4,551172	(31) 5,160642	(32) 46,721355
(33) 35,703909	(34) 54,063741	(35) 12,946304	(36) 87,437858
(37) 33,323705	(38) 67,461925	(39) 7,976638	(40) 19,956664
(41) 22,378072	(42) 14,502259	(43) 33,397295	(44) 53,611384
(45) 143,176648	(46) 27,627135	(47) 53,889717	(48) 28,343982
(49) 64,970322	(50) 21,861469	(51) 40,501096	(52) 36,046395
(53) 18,115808			

MAIOR DISTÂNCIA : 404,439055

GENÓTIPO : 23

MENOR DISTÂNCIA : 3,162191

GENÓTIPO : 15

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 28

(1) 84,062015	(2) 34,936224	(3) 40,826971	(4) 28,863577
(5) 55,245217	(6) 67,879238	(7) 40,433228	(8) 21,601489
(9) 31,831526	(10) 81,633328	(11) 82,585407	(12) 19,293001
(13) 86,742409	(14) 79,100873	(15) 17,137903	(16) 59,703783
(17) 62,310595	(18) 88,483854	(19) 58,739132	(20) 82,75692
(21) 21,587151	(22) 58,325372	(23) 390,954107	(24) 138,646734
(25) 25,090541	(26) 105,64327	(27) 15,579298	
(29) 37,877783	(30) 15,812516	(31) 11,447414	(32) 21,219262
(33) 57,714041	(34) 75,01611	(35) 44,2954	(36) 87,695386
(37) 66,41558	(38) 84,713591	(39) 19,661655	(40) 50,559258
(41) 50,199349	(42) 5,925011	(43) 62,797874	(44) 58,718059
(45) 156,652833	(46) 10,039718	(47) 71,086235	(48) 51,913577
(49) 25,358343	(50) 22,248366	(51) 82,406109	(52) 22,819991
(53) 50,983043			

MAIOR DISTÂNCIA : 390,954107

GENÓTIPO : 23

MENOR DISTÂNCIA : 5,925011

GENÓTIPO : 42

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 29

(1) 62,215533	(2) 46,731931	(3) 25,619202	(4) 8,506784
(5) 53,23652	(6) 63,709718	(7) 45,056883	(8) 33,098913
(9) 18,500008	(10) 101,259429	(11) 80,229185	(12) 32,202656
(13) 77,839565	(14) 87,273371	(15) 24,555714	(16) 62,00456
(17) 68,960468	(18) 101,160435	(19) 83,69163	(20) 73,990157
(21) 19,318482	(22) 76,722282	(23) 364,881475	(24) 161,645444
(25) 11,085204	(26) 112,161148	(27) 16,578292	(28) 37,877783
	(30) 17,935269	(31) 23,740505	(32) 43,245082
(33) 28,738494	(34) 78,731274	(35) 22,097894	(36) 79,766355
(37) 35,733655	(38) 83,168138	(39) 24,064519	(40) 14,671042
(41) 9,007949	(42) 22,554083	(43) 41,239468	(44) 68,647053
(45) 179,432216	(46) 40,361587	(47) 70,558465	(48) 9,70619
(49) 69,495925	(50) 33,54058	(51) 19,468069	(52) 43,274898
(53) 20,897412			

MAIOR DISTÂNCIA : 364,881475

GENÓTIPO : 23

MENOR DISTÂNCIA : 8,506784

GENÓTIPO : 4

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 30

(1) 56,367251	(2) 27,439514	(3) 15,479432	(4) 16,440267
(5) 32,657277	(6) 62,310053	(7) 39,681943	(8) 4,927056
(9) 12,631481	(10) 91,882054	(11) 63,310348	(12) 26,797673
(13) 69,243886	(14) 68,02392	(15) 7,924114	(16) 52,960732
(17) 55,615605	(18) 79,593833	(19) 58,164898	(20) 56,837182
(21) 11,09669	(22) 55,99101	(23) 383,447942	(24) 139,511729
(25) 14,288193	(26) 84,52711	(27) 4,551172	(28) 15,812516
(29) 17,935269		(31) 8,254219	(32) 37,175299
(33) 38,207893	(34) 62,846958	(35) 13,328561	(36) 79,120471
(37) 40,550605	(38) 62,689091	(39) 5,102341	(40) 20,875986
(41) 20,495547	(42) 11,826839	(43) 46,112701	(44) 57,059184
(45) 147,634747	(46) 25,786523	(47) 54,046321	(48) 31,381453
(49) 57,03703	(50) 11,689925	(51) 46,265753	(52) 24,222648
(53) 19,64548			

MAIOR DISTÂNCIA : 383,447942

GENÓTIPO : 23

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

MENOR DISTÂNCIA : 4,551172

GENÓTIPO : 27

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 31

(1) 72,1291	(2) 34,471482	(3) 24,128813	(4) 24,849031
(5) 30,975883	(6) 67,266483	(7) 42,870406	(8) 14,596939
(9) 29,132981	(10) 94,747829	(11) 91,406288	(12) 34,643292
(13) 97,977632	(14) 95,484895	(15) 8,089099	(16) 62,739832
(17) 62,450612	(18) 93,654761	(19) 60,530432	(20) 68,808029
(21) 9,094421	(22) 67,308577	(23) 401,347477	(24) 136,553328
(25) 7,105192	(26) 101,420352	(27) 5,160642	(28) 11,447414
(29) 23,740505	(30) 8,254219	(31) 8,254219	(32) 35,521721
(33) 29,246146	(34) 67,239685	(35) 17,837825	(36) 104,934589
(37) 39,499441	(38) 79,595351	(39) 5,573447	(40) 29,458734
(41) 35,378252	(42) 12,339265	(43) 33,346021	(44) 63,735831
(45) 147,036631	(46) 21,824704	(47) 64,037231	(48) 36,261881
(49) 59,802301	(50) 27,924176	(51) 52,5191	(52) 42,414945
(53) 21,999483			

MAIOR DISTÂNCIA : 401,347477

GENÓTIPO : 23

MENOR DISTÂNCIA : 5,160642

GENÓTIPO : 27

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 32

(1) 106,064187	(2) 54,122707	(3) 58,699779	(4) 45,560248
(5) 106,80371	(6) 47,564054	(7) 53,4616	(8) 47,215935
(9) 47,994521	(10) 80,00045	(11) 101,861613	(12) 21,602647
(13) 95,779012	(14) 93,044857	(15) 49,088454	(16) 74,107078
(17) 89,02416	(18) 123,034347	(19) 91,020285	(20) 122,457446
(21) 31,546009	(22) 82,286322	(23) 335,145357	(24) 151,458712
(25) 34,590837	(26) 125,787359	(27) 46,721355	(28) 21,219262
(29) 43,245082	(30) 37,175299	(31) 35,521721	(32) 35,521721
(33) 73,238546	(34) 115,130398	(35) 71,882883	(36) 86,952457
(37) 98,545528	(38) 103,143309	(39) 38,225711	(40) 71,567922
(41) 59,267528	(42) 12,538392	(43) 97,455419	(44) 84,180827
(45) 185,264403	(46) 11,436016	(47) 98,729599	(48) 55,903547
(49) 21,015115	(50) 34,29519	(51) 100,410619	(52) 23,226804
(53) 72,830234			

MAIOR DISTÂNCIA : 335,145357

GENÓTIPO : 23

MENOR DISTÂNCIA : 11,436016

GENÓTIPO : 46

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 33

(1) 86,551383	(2) 77,115622	(3) 17,595106	(4) 44,151045
(5) 34,036679	(6) 97,529731	(7) 66,980325	(8) 60,018567
(9) 43,376018	(10) 138,28812	(11) 135,41846	(12) 64,223546
(13) 141,401208	(14) 142,691236	(15) 44,473565	(16) 100,351187
(17) 93,7839	(18) 142,383461	(19) 109,524466	(20) 92,316455
(21) 23,383108	(22) 123,707626	(23) 433,190044	(24) 170,815907
(25) 13,029296	(26) 136,576263	(27) 35,703909	(28) 57,714041
(29) 28,738494	(30) 38,207893	(31) 29,246146	(32) 73,238546
	(34) 102,551594	(35) 22,514421	(36) 141,157634
(37) 17,875297	(38) 111,994409	(39) 34,805415	(40) 18,900862
(41) 32,836382	(42) 53,387771	(43) 35,21918	(44) 103,321528
(45) 184,780646	(46) 63,220699	(47) 92,540499	(48) 31,418533
(49) 103,334172	(50) 78,096641	(51) 20,526218	(52) 88,790887
(53) 20,394345			

MAIOR DISTÂNCIA : 433,190044

GENÓTIPO : 23

MENOR DISTÂNCIA : 13,029296

GENÓTIPO : 25

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 34

(1) 15,44381	(2) 18,402546	(3) 75,349871	(4) 76,246028
(5) 69,319277	(6) 88,409106	(7) 18,381122	(8) 61,089932
(9) 73,829897	(10) 120,391564	(11) 32,301754	(12) 80,49342
(13) 42,74544	(14) 39,012644	(15) 50,771047	(16) 20,347872
(17) 7,125665	(18) 11,534339	(19) 6,310824	(20) 9,424197
(21) 71,695371	(22) 17,043391	(23) 367,910903	(24) 105,85565
(25) 77,121726	(26) 29,146421	(27) 54,063741	(28) 75,01611
(29) 78,731274	(30) 62,846958	(31) 67,239685	(32) 115,130398
(33) 102,551594		(35) 69,426647	(36) 43,423823
(37) 52,466164	(38) 17,112083	(39) 66,420529	(40) 73,033037
(41) 72,353059	(42) 77,398707	(43) 98,10095	(44) 14,920875

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(45) 62,501875 (46) 86,30383 (47) 10,355893 (48) 84,506745
 (49) 126,392321 (50) 82,966974 (51) 93,311228 (52) 89,105932
 (53) 76,532655

MAIOR DISTÂNCIA : 367,910903 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 6,310824 GENÓTIPO : 19

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 35

(1) 56,896506	(2) 44,908747	(3) 8,33414	(4) 30,893043
(5) 17,480071	(6) 83,627821	(7) 52,639636	(8) 18,077758
(9) 23,825777	(10) 116,623709	(11) 87,55291	(12) 59,737249
(13) 95,662692	(14) 96,450698	(15) 17,403388	(16) 70,436596
(17) 69,109303	(18) 91,001236	(19) 74,626683	(20) 53,6352
(21) 20,478199	(22) 86,934302	(23) 414,05951	(24) 148,736501
(25) 15,425725	(26) 87,794279	(27) 12,946304	(28) 44,2954
(29) 22,097894	(30) 13,328561	(31) 17,837825	(32) 71,882883
(33) 22,514421	(34) 69,426647	(35) 108,58623	(36) 108,58623
(37) 20,062086	(38) 66,996245	(39) 15,141334	(40) 7,619781
(41) 17,474135	(42) 41,097919	(43) 29,992068	(44) 75,461804
(45) 140,409848	(46) 54,280493	(47) 56,505231	(48) 30,015457
(49) 103,094458	(50) 39,65918	(51) 23,549676	(52) 57,488306
(53) 2,243994			

MAIOR DISTÂNCIA : 414,05951 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 2,243994 GENÓTIPO : 53

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 36

(1) 27,284588	(2) 33,880734	(3) 96,973631	(4) 73,402222
(5) 138,397651	(6) 68,24818	(7) 31,669892	(8) 83,218434
(9) 68,262205	(10) 111,587173	(11) 11,029714	(12) 67,461407
(13) 6,892096	(14) 10,951184	(15) 90,393571	(16) 16,705736
(17) 29,411694	(18) 34,684073	(19) 38,808398	(20) 46,49202
(21) 98,703954	(22) 20,887585	(23) 290,308413	(24) 135,015931
(25) 102,319057	(26) 45,600238	(27) 87,437858	(28) 87,695386
(29) 79,766355	(30) 79,120471	(31) 104,934589	(32) 86,952457
(33) 141,157634	(34) 43,423823	(35) 108,58623	(36) 108,58623
(37) 101,907006	(38) 30,512846	(39) 97,864658	(40) 93,426291
(41) 72,197181	(42) 75,442939	(43) 163,750992	(44) 28,627425
(45) 119,776051	(46) 84,001913	(47) 32,768729	(48) 92,10559
(49) 87,235471	(50) 69,865905	(51) 117,064466	(52) 58,625085
(53) 110,824813			

MAIOR DISTÂNCIA : 290,308413 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 6,892096 GENÓTIPO : 13

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 37

(1) 43,285349	(2) 52,256298	(3) 18,087825	(4) 52,103386
(5) 19,835423	(6) 97,987689	(7) 39,819596	(8) 55,544846
(9) 38,46824	(10) 130,92583	(11) 91,215698	(12) 66,006319
(13) 101,837129	(14) 101,251424	(15) 37,971095	(16) 66,11749
(17) 50,598771	(18) 82,127694	(19) 66,90355	(20) 44,415666
(21) 33,244735	(22) 87,253652	(23) 421,933029	(24) 142,41509
(25) 28,274823	(26) 82,22987	(27) 33,323705	(28) 66,41558
(29) 35,733655	(30) 40,550605	(31) 39,499441	(32) 98,545528
(33) 17,875297	(34) 52,466164	(35) 20,062086	(36) 101,907006
	(38) 64,015134	(39) 43,768144	(40) 13,177884
(41) 26,046394	(42) 66,278864	(43) 38,327395	(44) 62,683683
(45) 123,630918	(46) 75,971595	(47) 47,831429	(48) 28,402439
(49) 124,827751	(50) 82,838156	(51) 18,301641	(52) 90,340735
(53) 21,432055			

MAIOR DISTÂNCIA : 421,933029 GENÓTIPO : 23
 MENOR DISTÂNCIA : 13,177884 GENÓTIPO : 40

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 38

(1) 13,000375	(2) 17,884234	(3) 66,137208	(4) 85,764436
(5) 86,347152	(6) 68,918624	(7) 22,419352	(8) 56,039664
(9) 70,370882	(10) 109,639403	(11) 20,928595	(12) 84,204966
(13) 26,920654	(14) 21,873393	(15) 62,119529	(16) 17,931815
(17) 15,201011	(18) 12,115209	(19) 15,53242	(20) 10,788146
(21) 75,871601	(22) 24,906433	(23) 319,329088	(24) 96,864081

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(25) 85,018025	(26) 9,270838	(27) 67,461925	(28) 84,713591
(29) 83,168138	(30) 62,689091	(31) 79,595351	(32) 103,143309
(33) 111,994409	(34) 17,112083	(35) 66,996245	(36) 30,512846
(37) 64,015134		(39) 68,321031	(40) 71,370336
(41) 67,190864	(42) 83,038355	(43) 115,455609	(44) 22,900312
(45) 49,826059	(46) 88,269582	(47) 5,725688	(48) 87,861358
(49) 122,628088	(50) 72,810562	(51) 99,041711	(52) 70,86985
(53) 73,570199			

MAIOR DISTÂNCIA : 319,329088	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 5,725688	GENÓTIPO : 47

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 39

(1) 68,554254	(2) 30,190352	(3) 19,633521	(4) 23,829191
(5) 35,356946	(6) 62,035079	(7) 42,617917	(8) 8,032381
(9) 28,582801	(10) 95,060825	(11) 83,552513	(12) 35,189452
(13) 89,601845	(14) 85,978438	(15) 7,224624	(16) 65,069922
(17) 63,54983	(18) 87,48583	(19) 61,566534	(20) 63,53762
(21) 7,652659	(22) 65,570179	(23) 389,471855	(24) 135,751474
(25) 11,954654	(26) 92,308794	(27) 7,976638	(28) 19,661655
(29) 24,064519	(30) 5,102341	(31) 5,573447	(32) 38,225711
(33) 34,805415	(34) 66,420529	(35) 15,141334	(36) 97,864658
(37) 43,768144	(38) 68,321031		(40) 29,303498
(41) 31,013027	(42) 16,287944	(43) 39,932068	(44) 67,86365
(45) 139,763336	(46) 28,934378	(47) 62,069398	(48) 39,782481
(49) 64,025953	(50) 20,931615	(51) 50,800636	(52) 35,654281
(53) 21,401088			

MAIOR DISTÂNCIA : 389,471855	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 5,102341	GENÓTIPO : 30

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 40

(1) 52,645685	(2) 50,995457	(3) 7,78863	(4) 26,521764
(5) 23,460407	(6) 84,646812	(7) 48,12391	(8) 32,232098
(9) 15,282277	(10) 116,767748	(11) 84,110565	(12) 50,235682
(13) 89,021296	(14) 93,323691	(15) 26,876707	(16) 68,591023
(17) 68,583617	(18) 93,641998	(19) 83,390489	(20) 59,698897
(21) 26,199397	(22) 91,222365	(23) 409,434836	(24) 162,534086
(25) 17,470665	(26) 94,294463	(27) 19,956664	(28) 50,559258
(29) 14,671042	(30) 20,875986	(31) 29,458734	(32) 71,567922
(33) 18,900862	(34) 73,033037	(35) 7,619781	(36) 93,426291
(37) 13,177884	(38) 71,370336	(39) 29,303498	
(41) 5,28646	(42) 44,474995	(43) 39,353802	(44) 75,169407
(45) 155,969592	(46) 57,631966	(47) 59,135323	(48) 16,078947
(49) 96,676192	(50) 46,993541	(51) 9,390204	(52) 57,52105
(53) 6,873621			

MAIOR DISTÂNCIA : 409,434836	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 5,28646	GENÓTIPO : 41

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 41

(1) 50,151071	(2) 45,390502	(3) 15,202585	(4) 20,204242
(5) 40,717099	(6) 71,81566	(7) 42,460974	(8) 31,298651
(9) 10,860632	(10) 106,923174	(11) 71,320673	(12) 37,224193
(13) 72,18121	(14) 79,400911	(15) 28,123667	(16) 61,777057
(17) 65,829824	(18) 87,472959	(19) 82,263887	(20) 64,25029
(21) 27,186916	(22) 80,624311	(23) 383,776752	(24) 166,674707
(25) 21,209557	(26) 92,691717	(27) 22,378072	(28) 50,199349
(29) 9,007949	(30) 20,495547	(31) 35,378252	(32) 59,267528
(33) 32,836382	(34) 72,353059	(35) 17,474135	(36) 72,197181
(37) 26,046394	(38) 67,190864	(39) 31,013027	(40) 5,28646
	(42) 37,24769	(43) 54,498535	(44) 70,932243
(45) 162,593316	(46) 52,225271	(47) 60,113282	(48) 11,392834
(49) 84,577467	(50) 37,330625	(51) 14,233999	(52) 44,396844
(53) 16,497994			

MAIOR DISTÂNCIA : 383,776752	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 5,28646	GENÓTIPO : 40

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 42

(1) 76,110416	(2) 33,847351	(3) 38,195178	(4) 19,004699
-----------------	-----------------	-----------------	-----------------

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(5) 63,388139	(6) 54,366132	(7) 38,399181	(8) 20,824626
(9) 24,35612	(10) 80,139528	(11) 74,951368	(12) 13,162536
(13) 75,623624	(14) 74,251779	(15) 19,098317	(16) 55,056149
(17) 61,923552	(18) 92,37749	(19) 63,363494	(20) 84,243819
(21) 15,349412	(22) 55,213013	(23) 362,796359	(24) 141,667701
(25) 18,060707	(26) 105,712359	(27) 14,502259	(28) 5,925011
(29) 22,554083	(30) 11,826839	(31) 12,339265	(32) 12,538392
(33) 53,387771	(34) 77,398707	(35) 41,097919	(36) 75,442939
(37) 66,278864	(38) 83,038355	(39) 16,287944	(40) 44,474995
(41) 37,24769		(43) 64,084328	(44) 57,993872
(45) 168,634831	(46) 7,123544	(47) 72,501432	(48) 38,068473
(49) 27,391638	(50) 15,862246	(51) 70,771705	(52) 17,323849
(53) 45,228038			

MAIOR DISTÂNCIA : 362,796359
MENOR DISTÂNCIA : 5,925011

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 28

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 43

(1) 104,444337	(2) 71,025808	(3) 45,046745	(4) 54,375289
(5) 35,24653	(6) 116,632651	(7) 77,917225	(8) 57,833791
(9) 58,385717	(10) 120,651907	(11) 145,537806	(12) 81,467115
(13) 152,991997	(14) 142,526222	(15) 34,656953	(16) 110,343362
(17) 96,626419	(18) 130,133857	(19) 104,606856	(20) 88,986548
(21) 35,415952	(22) 124,884147	(23) 448,320872	(24) 165,927973
(25) 31,679582	(26) 141,501537	(27) 33,397295	(28) 62,797874
(29) 41,239468	(30) 46,112701	(31) 33,346021	(32) 97,455419
(33) 35,21918	(34) 98,10095	(35) 29,992068	(36) 163,750992
(37) 38,327395	(38) 115,455609	(39) 39,932068	(40) 39,353802
(41) 54,498535	(42) 64,084328		(44) 91,142573
(45) 168,231977	(46) 79,52002	(47) 96,230374	(48) 42,375733
(49) 130,340296	(50) 76,740727	(51) 43,169774	(52) 100,6045
(53) 34,95352			

MAIOR DISTÂNCIA : 448,320872
MENOR DISTÂNCIA : 29,992068

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 35

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 44

(1) 18,643665	(2) 14,650961	(3) 75,468946	(4) 67,910313
(5) 82,608189	(6) 69,893189	(7) 16,160083	(8) 62,151479
(9) 59,046345	(10) 91,993799	(11) 21,792842	(12) 59,607557
(13) 27,573103	(14) 20,071428	(15) 55,263377	(16) 9,746276
(17) 4,594405	(18) 20,917146	(19) 9,331067	(20) 19,499921
(21) 64,773872	(22) 10,990209	(23) 319,733179	(24) 94,864467
(25) 72,305049	(26) 32,733875	(27) 53,611384	(28) 58,718059
(29) 68,647053	(30) 57,059184	(31) 63,735831	(32) 84,180827
(33) 103,321528	(34) 14,920875	(35) 75,461804	(36) 28,627425
(37) 62,683683	(38) 22,900312	(39) 67,86365	(40) 75,169407
(41) 70,932243	(42) 57,993872	(43) 91,142573	
(45) 79,548745	(46) 64,350238	(47) 13,897257	(48) 72,729794
(49) 94,538127	(50) 65,416729	(51) 100,931833	(52) 64,691875
(53) 83,04819			

MAIOR DISTÂNCIA : 319,733179
MENOR DISTÂNCIA : 4,594405

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 17

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 45

(1) 83,013439	(2) 78,878468	(3) 142,514597	(4) 188,217496
(5) 144,796207	(6) 94,909158	(7) 75,417418	(8) 133,078955
(9) 170,811799	(10) 99,915942	(11) 109,086894	(12) 168,164231
(13) 120,803091	(14) 103,128987	(15) 127,078358	(16) 87,359869
(17) 66,778043	(18) 54,740498	(19) 57,454086	(20) 63,361508
(21) 144,619707	(22) 93,956686	(23) 327,90798	(24) 123,234482
(25) 160,84814	(26) 28,855495	(27) 143,176648	(28) 156,652833
(29) 179,432216	(30) 147,634747	(31) 147,036631	(32) 185,264403
(33) 184,780646	(34) 62,501875	(35) 140,409848	(36) 119,776051
(37) 123,630918	(38) 49,826059	(39) 139,763336	(40) 155,969592
(41) 162,593316	(42) 168,634831	(43) 168,231977	(44) 79,548745
	(46) 160,77863	(47) 58,282277	(48) 173,283006
(49) 211,072308	(50) 172,226984	(51) 186,407053	(52) 161,579206
(53) 150,168431			

MAIOR DISTÂNCIA : 327,90798
MENOR DISTÂNCIA : 28,855495

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 26

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 46			
(1) 86,873449	(2) 42,895112	(3) 44,812223	(4) 38,363764
(5) 70,141299	(6) 62,627003	(7) 37,608256	(8) 33,264302
(9) 36,992049	(10) 79,782224	(11) 90,228402	(12) 16,666423
(13) 92,018122	(14) 84,327633	(15) 31,911433	(16) 64,419022
(17) 67,319037	(18) 93,34309	(19) 65,867171	(20) 97,361398
(21) 23,090918	(22) 66,824025	(23) 372,433824	(24) 136,39773
(25) 28,118559	(26) 105,159616	(27) 27,627135	(28) 10,039718
(29) 40,361587	(30) 25,786523	(31) 21,824704	(32) 11,436016
(33) 63,220699	(34) 86,30383	(35) 54,280493	(36) 84,001913
(37) 75,971595	(38) 88,269582	(39) 28,934378	(40) 57,631966
(41) 52,225271	(42) 7,123544	(43) 79,52002	(44) 64,350238
(45) 160,77863		(47) 81,221829	(48) 53,663732
(49) 23,550025	(50) 30,569166	(51) 88,010088	(52) 18,253121
(53) 56,657469			
MAIOR DISTÂNCIA : 372,433824	GENÓTIPO : 23		
MENOR DISTÂNCIA : 7,123544	GENÓTIPO : 42		

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 47			
(1) 6,804381	(2) 14,950234	(3) 59,828796	(4) 73,353445
(5) 70,567058	(6) 68,144704	(7) 20,296863	(8) 52,308276
(9) 60,300666	(10) 109,128537	(11) 19,250757	(12) 79,986011
(13) 26,166519	(14) 24,907962	(15) 53,225599	(16) 8,873118
(17) 8,618238	(18) 16,564837	(19) 10,445474	(20) 5,047434
(21) 68,189651	(22) 19,03369	(23) 327,862447	(24) 96,648776
(25) 69,472536	(26) 15,26726	(27) 53,889717	(28) 71,086235
(29) 70,558465	(30) 54,046321	(31) 64,037231	(32) 98,729599
(33) 92,540499	(34) 10,355893	(35) 56,505231	(36) 32,768729
(37) 47,831429	(38) 5,725688	(39) 62,069398	(40) 59,135323
(41) 60,113282	(42) 72,501432	(43) 96,230374	(44) 13,897257
(45) 58,282277	(46) 81,221829		(48) 74,337329
(49) 117,675791	(50) 69,400391	(51) 85,901364	(52) 74,985149
(53) 61,581699			
MAIOR DISTÂNCIA : 327,862447	GENÓTIPO : 23		
MENOR DISTÂNCIA : 5,047434	GENÓTIPO : 20		

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 48			
(1) 67,109912	(2) 57,559531	(3) 29,051601	(4) 31,728868
(5) 53,320649	(6) 72,260318	(7) 47,655829	(8) 49,496505
(9) 23,664104	(10) 106,263319	(11) 94,815993	(12) 34,384642
(13) 94,669572	(14) 102,708296	(15) 33,740199	(16) 71,51275
(17) 70,32835	(18) 108,075624	(19) 92,302651	(20) 81,281758
(21) 23,513942	(22) 93,334555	(23) 377,668438	(24) 164,862902
(25) 19,79524	(26) 113,671328	(27) 28,343982	(28) 51,913577
(29) 9,70619	(30) 31,381453	(31) 36,261881	(32) 55,903547
(33) 31,418533	(34) 84,506745	(35) 30,015457	(36) 92,10559
(37) 28,402439	(38) 87,861358	(39) 39,782481	(40) 16,078947
(41) 11,392834	(42) 38,068473	(43) 42,375733	(44) 72,729794
(45) 173,283006	(46) 53,663732	(47) 74,337329	
(49) 93,680939	(50) 57,050303	(51) 21,995957	(52) 60,322062
(53) 30,501603			
MAIOR DISTÂNCIA : 377,668438	GENÓTIPO : 23		
MENOR DISTÂNCIA : 9,70619	GENÓTIPO : 29		

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 49			
(1) 127,467345	(2) 70,267143	(3) 80,751768	(4) 49,424869
(5) 126,21139	(6) 84,314027	(7) 64,050035	(8) 67,549689
(9) 63,759064	(10) 94,96599	(11) 106,464213	(12) 27,869805
(13) 100,896757	(14) 90,30652	(15) 67,057776	(16) 90,528561
(17) 101,538562	(18) 123,504875	(19) 101,145304	(20) 137,107055
(21) 61,359839	(22) 87,632512	(23) 375,44002	(24) 174,740756
(25) 66,620091	(26) 148,118843	(27) 64,970322	(28) 25,358343
(29) 69,495925	(30) 57,03703	(31) 59,802301	(32) 21,015115
(33) 103,334172	(34) 126,392321	(35) 103,094458	(36) 87,235471
(37) 124,827751	(38) 122,628088	(39) 64,025953	(40) 96,676192
(41) 84,577467	(42) 27,391638	(43) 130,340296	(44) 94,538127
(45) 211,072308	(46) 23,550025	(47) 117,675791	(48) 93,680939

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(50) 45,043721 (51) 124,31476 (52) 23,149733
 (53) 106,754326

MAIOR DISTÂNCIA : 375,44002	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 21,015115	GENÓTIPO : 32

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 50

(1) 73,555044	(2) 30,427611	(3) 41,15551	(4) 22,471915
(5) 66,563393	(6) 63,949519	(7) 55,145067	(8) 11,162907
(9) 19,1884	(10) 84,531072	(11) 58,649961	(12) 33,931216
(13) 59,207139	(14) 55,346603	(15) 24,849055	(16) 57,772575
(17) 73,609739	(18) 87,528416	(19) 71,262009	(20) 77,883549
(21) 35,030535	(22) 56,563865	(23) 368,644727	(24) 159,392936
(25) 37,825444	(26) 96,524832	(27) 21,861469	(28) 22,248366
(29) 33,54058	(30) 11,689925	(31) 27,924176	(32) 34,29519
(33) 78,096641	(34) 82,966974	(35) 39,65918	(36) 69,865905
(37) 82,838156	(38) 72,810562	(39) 20,931615	(40) 46,993541
(41) 37,330625	(42) 15,862246	(43) 76,740727	(44) 65,416729
(45) 172,226984	(46) 30,569166	(47) 69,400391	(48) 57,050303
(49) 45,043721		(51) 79,531393	(52) 15,344556
(53) 45,472366			

MAIOR DISTÂNCIA : 368,644727	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 11,162907	GENÓTIPO : 8

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 51

(1) 72,418961	(2) 78,553187	(3) 24,458109	(4) 33,963187
(5) 42,688981	(6) 108,908349	(7) 65,889943	(8) 64,249267
(9) 38,211372	(10) 144,773011	(11) 115,549847	(12) 72,037626
(13) 117,521724	(14) 125,464937	(15) 48,260228	(16) 96,925532
(17) 92,060808	(18) 120,321151	(19) 113,815646	(20) 80,121917
(21) 42,739171	(22) 121,824049	(23) 429,508402	(24) 190,57952
(25) 29,678378	(26) 128,77571	(27) 40,501096	(28) 82,406109
(29) 19,468069	(30) 46,265753	(31) 52,5191	(32) 100,410619
(33) 20,526218	(34) 93,311228	(35) 23,549676	(36) 117,064466
(37) 18,301641	(38) 99,041711	(39) 50,800636	(40) 9,390204
(41) 14,233999	(42) 70,771705	(43) 43,169774	(44) 100,931833
(45) 186,407053	(46) 88,010088	(47) 85,901364	(48) 21,995957
(49) 124,31476	(50) 79,531393		(52) 89,799725
(53) 19,839412			

MAIOR DISTÂNCIA : 429,508402	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 9,390204	GENÓTIPO : 40

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 52

(1) 79,527654	(2) 39,993424	(3) 44,361195	(4) 33,490297
(5) 85,772685	(6) 63,947853	(7) 42,449942	(8) 26,758735
(9) 29,051086	(10) 79,428862	(11) 61,385248	(12) 17,56352
(13) 60,633267	(14) 52,41053	(15) 37,06138	(16) 61,283378
(17) 68,593612	(18) 78,460217	(19) 70,588349	(20) 87,159427
(21) 37,26852	(22) 60,550091	(23) 350,699323	(24) 145,130409
(25) 49,99953	(26) 90,796667	(27) 36,046395	(28) 22,819991
(29) 43,274898	(30) 24,222648	(31) 42,414945	(32) 23,226804
(33) 88,790887	(34) 89,105932	(35) 57,488306	(36) 58,625085
(37) 90,340735	(38) 70,86985	(39) 35,654281	(40) 57,52105
(41) 44,396844	(42) 17,323849	(43) 100,6045	(44) 64,691875
(45) 161,579206	(46) 18,253121	(47) 74,985149	(48) 60,322062
(49) 23,149733	(50) 15,344556	(51) 89,799725	
(53) 64,43293			

MAIOR DISTÂNCIA : 350,699323	GENÓTIPO : 23
MENOR DISTÂNCIA : 15,344556	GENÓTIPO : 50

DISTÂNCIAS EM RELAÇÃO AO GENÓTIPO => 53

(1) 59,024029	(2) 51,331137	(3) 11,39726	(4) 31,880468
(5) 22,740382	(6) 84,288218	(7) 56,920634	(8) 25,314079
(9) 26,643381	(10) 121,819618	(11) 94,33034	(12) 67,266058
(13) 100,08937	(14) 104,552229	(15) 25,232014	(16) 72,913366
(17) 76,944914	(18) 99,655636	(19) 82,882929	(20) 61,256276
(21) 26,522901	(22) 94,996865	(23) 413,343332	(24) 157,632748
(25) 14,332352	(26) 94,772417	(27) 18,115808	(28) 50,983043

Apêndice 1. Continuação... Medidas de Similaridade, Distância de Mahalanobis.

(29)20,897412	(30)19,64548	(31)21,999483	(32)72,830234
(33)20,394345	(34)76,532655	(35)2,243994	(36)110,824813
(37)21,432055	(38)73,570199	(39)21,401088	(40)6,873621
(41)16,497994	(42)45,228038	(43)34,95352	(44)83,04819
(45)150,168431	(46)56,657469	(47)61,581699	(48)30,501603
(49)106,754326	(50)45,472366	(51)19,839412	(52)64,43293

MAIOR DISTÂNCIA : 413,343332
MENOR DISTÂNCIA : 2,243994

GENÓTIPO : 23
GENÓTIPO : 35

MÁXIMO : 497,509062
MÍNIMO : 2,243994
SOMA DAS DISTÂNCIAS
SOMA DE QUADRADOS
MÉDIA DAS DISTÂNCIAS

ACESSOS: 5 e 23
ACESSOS : 35 e 53
101012,078539
13934250,796318
73,303395

MATRIZ DE DISTÂNCIA ==> MAHALANOBIS GRAVADA NO ARQUIVO : matrizd

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

VARIÁVEL	S.j	VALOR(%)
x 1	1370,625435	1,3569
x 2	7112,143475	7,0409
x 3	4402,141411	4,358
x 4	14093,175795	13,952
x 5	4090,500166	4,0495
x 6	3536,692806	3,5013
x 7	1035,634597	1,0253
x 8	4353,194396	4,3096
x 9	10413,273999	10,3089
x 10	1432,691803	1,4183
x 11	8644,814229	8,5582
x 12	2625,770544	2,5995
x 13	6691,42939	6,6244
x 14	31209,990493	30,8973

ESTATÍSTICAS DESCRITIVAS

VARIÁVEL	VARIÂNCIA	MÉDIA	MÁXIMO	MÍNIMO
1	4,166064	7,191824	13,7	3,6
2	,026492	,908176	1,266667	,4
3	,172553	1,427673	2,0	1,0
4	,02677	1,968553	2,0	1,0
5	21,061942	12,386164	24,6	4,8
6	,041113	,828931	1,466667	,4
7	116,938558	37,830189	65,0	15,0
8	,129737	1,264151	2,0	1,0
9	,052814	1,930818	2,0	1,0
10	,025883	2,062893	2,666667	2,0
11	5,425147	9,016289	14,683333	5,283333
12	243,716097	47,150943	93,333336	18,333334
13	63,624173	26,950314	46,866667	14,9
14	,90695	1,792453	3,0	1,0
TOTAL	456,314293			

Apêndice 3. Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

Corte 1

```

=====
Programa GENES                               Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados                             C:\Users\Usuário\Documents\genes\paspalum notatum corte 1.dat
Número de variáveis                           2
Número de genótipos                          55
Número de testemunhas                        0
Data                                          01-22-2010
=====
ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

```

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	101358,26882	1877,004978	10,2365	,0
RESÍDUO	220	40340,1183	183,364174		
TOTAL	274	141698,3871			
MÉDIA geral			20,9492363636364		
CV (%)			64,6381691209969		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	375,400996
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	36,672835
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	338,728161
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	90,231
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	64,879
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	87,8532
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1,3592
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	24346,160435	450,854823	11,8323	,0
RESÍDUO	220	8382,8492	38,10386		
TOTAL	274	32729,0096			
MÉDIA geral			10,1709818181818		
CV (%)			60,690624793446		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	90,170965
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	7,620772
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	82,550193
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	91,5485
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	68,4189
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	89,3298
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1,4719
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS

375,400996 175,930936
175,930936 90,170965

COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS

338,728161 160,593787
160,593787 82,550193

COVARIÂNCIAS RESIDUAIS

183,364174 76,685747
76,685747 38,10386

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS

1, ,9562
,9562 1,

CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS

1, ,9604
,9604 1,

CORRELAÇÕES RESIDUAIS

1, ,9174
,9174 1,

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

```

=====
Programa GENES                      Agrupamento de Médias
Arquivo de dados                    C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat
Número de variáveis                 2
Graus de Liberdade do Resíduo      220
Número de Repetições                5
Nível de Significância              5
Número de Tratamentos               55
Testes comparativos de médias       Scott-Knott Original
Arquivo com os QMR                  Scott-Knott Original
Data                                01-22-2010
=====

```

Teste : Scott e Knott

VARIÁVEL: x 1 QMR: 183, Nível: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(37- 33)vs(29- 4)	14803,2506	102,9951	197,7649	48,1783	,0
(29- 27)vs(39- 4)	2457,2835	43,2382	78,1981	41,1706	,0452
(37- 53)vs(51- 33)	1794,2107	43,9816	56,1321	7,0078	,0
(39- 10)vs(52- 4)	590,9312	34,4957	23,5711	32,4109	87,1504
(29- 45)vs(5- 27)	177,9152	35,9735	6,8052	8,7597	63,5888
(51- 43)vs(54- 33)	92,5412	36,2369	3,5139	4,3798	53,5478
(37- 55)vs(53)	75,9561	36,4677	2,8659	2,6279	34,7667

Tratamento	Média	Grupo
37 Trat34	85,08	a
55 Trat52	82,132	a
53 Trat50	72,932	a
51 Trat48	54,296	b
48 Trat45	52,944	b
43 Trat40	50,64	b
54 Trat51	44,824	b
33 Trat30	42,866	b
29 Trat26	34,498	c
3 10386	34,196	c
35 Trat32	33,722	c
31 Trat28	30,21	c
45 Trat42	28,91	c
5 Trat2	25,65	c
25 Trat22	24,902	c
41 Trat38	24,852	c
40 Trat37	23,606	c
27 Trat24	20,346	c
39 Trat36	18,86	d
21 Trat18	17,796	d
47 Trat44	17,224	d
30 Trat27	17,15	d
20 Trat17	16,168	d
34 Trat31	15,454	d
17 Trat14	15,372	d
9 Trat6	15,366	d
46 Trat43	15,06	d
42 Trat39	14,784	d
26 Trat23	14,638	d
15 Trat12	13,82	d
38 Trat35	12,792	d
11 Trat8	12,532	d
44 Trat41	11,906	d
14 Trat11	10,916	d
49 Trat46	10,812	d
12 Trat9	10,752	d
10 Trat7	10,516	d
52 Trat49	9,868	d
2 38	9,31	d
13 Trat10	9,126	d
24 Trat21	8,93	d
16 Trat13	8,87	d
7 Trat4	7,544	d
28 Trat25	7,452	d
32 Trat29	7,234	d
8 Trat5	6,768	d
1 10386	6,458	d
50 Trat47	6,26	d
18 Trat15	5,574	d
22 Trat19	4,374	d
36 Trat33	4,088	d
23 Trat20	3,8	d
6 Trat3	3,308	d
19 Trat16	2,68	d
4 Trat1	2,04	d

VARIÁVEL: x 2 QMR: 38, Nível: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(55- 33)vs(43- 4)	3276,4713	23,7863	189,5345	48,1783	,0
(43- 21)vs(15- 4)	856,005	10,5574	111,5654	43,7985	,0
(55- 53)vs(54- 33)	297,7632	9,2723	44,1866	4,3798	,0

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

(15- 2)vs(9- 4)	129,0824	7,2582	24,4708	28,907	70,1404
(43- 3)vs(25- 21)	131,8061	7,7222	23,4857	14,8915	7,1499
(54)vs(33)	7,7224	7,5663	1,4044	1,7519	56,223
(55)vs(37- 53)	99,7479	7,9856	17,1872	2,6279	,0514
(37)vs(53)	9,0398	7,5723	1,6426	1,7519	61,659

Tratamento	Média	Grupo
55 Trat52	49,034	a
37 Trat34	38,928	b
53 Trat50	34,676	b
54 Trat51	27,092	c
33 Trat30	23,162	c
43 Trat40	19,476	d
51 Trat48	17,986	d
35 Trat32	17,488	d
45 Trat42	15,854	d
31 Trat28	15,852	d
48 Trat45	15,65	d
3 10386	15,456	d
25 Trat22	12,92	d
29 Trat26	12,864	d
47 Trat44	11,788	d
5 Trat2	11,338	d
27 Trat24	11,084	d
40 Trat37	11,012	d
41 Trat38	10,894	d
34 Trat31	10,824	d
39 Trat36	9,544	d
21 Trat18	9,386	d
15 Trat12	9,022	e
17 Trat14	8,588	e
38 Trat35	8,438	e
46 Trat43	8,208	e
10 Trat7	7,946	e
42 Trat39	7,826	e
30 Trat27	7,528	e
20 Trat17	6,742	e
26 Trat23	6,226	e
44 Trat41	6,216	e
24 Trat21	6,144	e
2 38	5,638	e
9 Trat6	4,836	e
49 Trat46	4,544	e
11 Trat8	4,484	e
12 Trat9	4,212	e
8 Trat5	4,188	e
7 Trat4	3,976	e
32 Trat29	3,96	e
14 Trat11	3,894	e
16 Trat13	3,86	e
50 Trat47	3,352	e
28 Trat25	3,258	e
13 Trat10	3,076	e
1 10386	3,044	e
18 Trat15	3,026	e
23 Trat20	2,846	e
52 Trat49	2,784	e
36 Trat33	2,444	e
6 Trat3	2,128	e
22 Trat19	1,898	e
19 Trat16	1,892	e
4 Trat1	,872	e

Corte 2

```

=====
Programa GENES                               Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados                             C:\Users\Usuário\Documents\genes\corte2.dat
Número de variáveis                           2
Número de genótipos                          55
Número de testemunhas                        0
Data                                          01-22-2010
=====

```

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	275003,846308	5092,663821	8,138	,0
RESÍDUO	220	137673,6703	625,78941		
TOTAL	274	412677,5166			
MÉDIA geral			25,8955636363636		
CV (%)			96,602582504741		

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos						
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)						1018,532764
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)						125,157882
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)						893,374882
HERDABILIDADE (US: média da família) - %						87,7119
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %						58,807
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)						115,4228
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos						1,1948
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES						5,
ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2						
FV	GL	SQ	QM	F		Probabilidade
TRATAMENTOS	54	42555,051282	788,056505	5,801		,0
RESÍDUO	220	29886,3901	135,847228			
TOTAL	274	72441,4414				
MÉDIA geral			14,5262545454545			
CV (%)			80,2364563801946			
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos						
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)						157,611301
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)						27,169446
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)						130,441855
HERDABILIDADE (US: média da família) - %						82,7617
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %						48,9851
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)						78,6239
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos						,9799
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES						5,
COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS						
1018,532764	368,525615					
368,525615	157,611301					
COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS						
893,374882	318,090136					
318,090136	130,441855					
COVARIÂNCIAS RESIDUAIS						
625,78941	252,177398					
252,177398	135,847228					
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS						
1,	,9198					
,9198	1,					
CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS						
1,	,9318					
,9318	1,					
CORRELAÇÕES RESIDUAIS						
1,	,8649					
,8649	1,					
<pre> ===== Programa GENES Agrupamento de Médias Arquivo de dados C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat Número de variáveis 2 Graus de Liberdade do Residuo 220 Número de Repetições 5 Nível de Significância 5 Número de Tratamentos 55 Testes comparativos de médias Scott-Knott Original Arquivo com os QMR Data 01-22-2010 ===== </pre>						
Teste : Scott e Knott						
VARIÁVEL: x 1	QMR: 625,	Nível: 5	GLRes : 220	N.Rep : 5		
Partição	Bo	V ²	Lambda	GL		Probabilidade(%)
(55- 37)vs(5- 7)	40611,644	300,0028	186,2662	48,1783		,0
(5- 20)vs(25- 7)	9398,1819	147,7429	87,5278	44,6744		,014
(55)vs(54- 37)	1467,3524	131,0303	15,4089	3,5039		,2663
(25- 44)vs(32- 7)	613,5373	112,0908	7,5315	28,907		99,9972
(5- 48)vs(51- 20)	1786,7814	125,131	19,6479	15,7674		22,3714
(54)vs(53- 37)	333,1938	125,0378	3,6666	2,6279		24,3653

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

Tratamento	Média	Grupo
55 Trat53	156,098	a
54 Trat52	126,77	b
53 Trat51	109,426	b
37 Trat35	99,402	b
5 Trat3	62,624	c
43 Trat41	55,724	c
33 Trat31	50,21	c
3 Trat1	49,21	c
48 Trat46	45,888	c
51 Trat49	39,684	c
41 Trat39	39,628	c
31 Trat29	33,058	c
21 Trat19	32,72	c
40 Trat38	32,42	c
45 Trat43	32,176	c
47 Trat45	29,84	c
15 Trat13	28,42	c
35 Trat33	28,306	c
27 Trat25	27,116	c
29 Trat27	25,05	c
34 Trat32	24,03	c
20 Trat18	23,884	c
25 Trat23	19,978	d
8 Trat6	19,27	d
38 Trat36	18,938	d
2 847228	15,71	d
24 Trat22	13,54	d
14 Trat12	13,132	d
17 Trat15	12,634	d
39 Trat37	12,284	d
42 Trat40	11,72	d
44 Trat42	10,784	d
32 Trat30	9,942	d
9 Trat7	9,554	d
10 Trat8	8,75	d
46 Trat44	8,264	d
16 Trat14	7,938	d
49 Trat47	7,142	d
11 Trat9	6,646	d
6 Trat4	6,552	d
18 Trat16	6,434	d
1 135	6,376	d
36 Trat34	6,082	d
30 Trat28	5,53	d
28 Trat26	5,49	d
52 Trat50	4,846	d
26 Trat24	4,372	d
22 Trat20	3,412	d
19 Trat17	3,31	d
50 Trat48	2,74	d
12 Trat10	2,71	d
13 Trat11	2,558	d
4 Trat2	2,282	d
23 Trat21	2,12	d
7 Trat5	1,532	d

VARIÁVEL: x 2 QMR: 135, Nivel: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(53- 27)vs(8- 7)	5607,234	52,5491	146,8223	48,1783	,0
(8- 44)vs(46- 7)	680,79	26,6048	35,2096	32,4109	33,6925
(53- 37)vs(54- 27)	1731,663	33,3879	71,3645	15,7674	,0
(54- 47)vs(15- 27)	178,4387	26,3795	9,3074	13,1395	75,955
(53)vs(55- 37)	15,392	26,7062	,793	2,6279	80,047

Tratamento	Média	Grupo
53 Trat51	54,138	a
55 Trat53	49,542	a
37 Trat35	49,124	a
54 Trat52	34,8	b
43 Trat41	28,842	b
48 Trat46	28,546	b
5 Trat3	27,708	b
33 Trat31	27,378	b
47 Trat45	25,768	b
15 Trat13	25,028	b
31 Trat29	24,148	b
21 Trat19	23,368	b
41 Trat39	21,868	b
3 Trat1	21,554	b
34 Trat32	20,592	b
51 Trat49	20,414	b
40 Trat38	20,282	b
27 Trat25	18,946	b
8 Trat6	17,662	c
35 Trat33	17,036	c
38 Trat36	16,524	c

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

45	Trat43	16,232	c
25	Trat23	15,59	c
20	Trat18	15,542	c
2	847228	13,328	c
29	Trat27	11,314	c
14	Trat12	10,872	c
42	Trat40	10,058	c
17	Trat15	10,04	c
24	Trat22	9,5	c
44	Trat42	9,358	c
46	Trat44	7,338	c
10	Trat8	7,264	c
32	Trat30	7,128	c
39	Trat37	6,982	c
16	Trat14	6,698	c
49	Trat47	5,98	c
36	Trat34	5,65	c
18	Trat16	5,62	c
9	Trat7	5,38	c
11	Trat9	5,216	c
6	Trat4	4,802	c
28	Trat26	4,39	c
1	135	4,01	c
52	Trat50	3,968	c
30	Trat28	3,83	c
19	Trat17	3,1	c
22	Trat20	3,052	c
26	Trat24	2,824	c
50	Trat48	2,558	c
13	Trat11	2,244	c
4	Trat2	1,882	c
23	Trat21	1,642	c
12	Trat10	1,416	c
7	Trat5	,868	c

Corte 3

```

=====
Programa GENES                               Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados                             C:\Users\Usuário\Documents\genes\corte 3.dat
Número de variáveis                          2
Número de genótipos                          2
Número de testemunhas                        0
Data                                          01-22-2010
=====

```

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	1	1358,39025	1358,39025	2,5118	,151687
RESÍDUO	8	4326,4959	540,811988		
TOTAL	9	5684,8862			
MÉDIA geral			74,575		
CV (%)			31,1838614866308		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	271,67805
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	108,162398
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	163,515653
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	60,1873
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %	23,2159
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	17,1469
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	,5499
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	1	1182,00384	1182,00384	2,1042	,184975
RESÍDUO	8	4493,9448	561,7431		
TOTAL	9	5675,9486			
MÉDIA geral			72,686		
CV (%)			32,6075450935389		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	236,400768
------------------------------	------------

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

VARIÂNCIA AMBIENTAL (média) 112,34862
 VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média) 124,052148
 HERDABILIDADE (US: média da família) - % 52,4754
 CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - % 18,0888
 COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%) 15,3233
 RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos ,4699
 NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES 5,

COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS	
271,67805	253,42632
253,42632	236,400768
COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS	
163,515653	144,851621
144,851621	124,052148
COVARIÂNCIAS RESIDUAIS	
540,811988	542,873494
542,873494	561,7431
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS	
1, 1,	
1, 1,	
CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS	
1, 1,017	
1,017 1,	
CORRELAÇÕES RESIDUAIS	
1, ,9849	
,9849 1,	

```

=====
Programa GENES                Agrupamento de Médias
Arquivo de dados              C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat
Número de variáveis           2
Graus de Liberdade do Residuo 8
Número de Repetições          5
Nível de Significância        5
Número de Tratamentos         2
Testes comparativos de médias  Scott-Knott Original
Arquivo com os QMR
Data                           01-22-2010
=====

```

Teste : Scott e Knott

VARIÁVEL: x 1					
QMR: 540,	Nível: 5	GLRes : 8	N.Rep : 5		
Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(1)vs(2)	271,6781	113,5678	3,2916	1,7519	15,5524
Tratamento	Média	Grupo			
1 Trat1	86,23	a			
2 Trat2	62,92	a			
VARIÁVEL: x 2					
QMR: 561,	Nível: 5	GLRes : 8	N.Rep : 5		
Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(1)vs(2)	236,4008	113,4001	2,8684	1,7519	19,5532
Tratamento	Média	Grupo			
1 Trat1	83,558	a			
2 Trat2	61,814	a			

Corte 4

```

=====
Programa GENES                Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados              C:\Users\Usuário\Documents\genes\corte 4.dat
Número de variáveis           2
Número de genótipos           55
Número de testemunhas         0
Data                           01-22-2010
=====

```

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1						
FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade	
TRATAMENTOS	54	30175,765039	558,810464	12,4518	,0	
RESÍDUO	220	9873,1613	44,878006			
TOTAL	274	40048,9263				
MÉDIA geral			9,56192727272727			
CV (%)			70,0601946419249			
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos						
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)				111,762093		
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)				8,975601		
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)				102,786492		
HERDABILIDADE (US: média da família) - %				91,969		
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %				69,6081		
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)				106,0285		
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos				1,5134		
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES				5,		
ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2						
FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade	
TRATAMENTOS	54	25062,091195	464,1128	11,6457	,0	
RESÍDUO	220	8767,6045	39,852748			
TOTAL	274	33829,6957				
MÉDIA geral			9,01861818181818			
CV (%)			69,9985645824775			
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos						
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)				92,82256		
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)				7,97055		
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)				84,85201		
HERDABILIDADE (US: média da família) - %				91,4131		
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %				68,0423		
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)				102,1389		
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos				1,4592		
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES				5,		
COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS						
111,762093		101,772255				
101,772255		92,82256				
COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS						
102,786492		93,420451				
93,420451		84,85201				
COVARIÂNCIAS RESIDUAIS						
44,878006		41,759019				
41,759019		39,852748				
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS						
1, ,9992		,9992 1,				
CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS						
1, 1,0003		1,0003 1,				
CORRELAÇÕES RESIDUAIS						
1, ,9874		,9874 1,				
<pre> ===== Programa GENES Agrupamento de Médias Arquivo de dados C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat Número de variáveis 2 Graus de Liberdade do Resíduo 220 Número de Repetições 5 Nível de Significância 5 Número de Tratamentos 55 Testes comparativos de médias Scott-Knott Original Arquivo com os QMR Data 01-22-2010 ===== </pre>						

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

Teste : Scott e Knott

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 35)vs(20- 4)	4232,981	28,986	200,9401	48,1783	,0
(20- 44)vs(50- 4)	330,3912	8,9737	50,6602	39,4186	10,8066
(54- 37)vs(55- 35)	1120,9515	14,3311	107,6258	8,7597	,0
(55- 53)vs(21- 35)	147,2	9,2445	21,9094	7,0078	,277
(54)vs(37)	67,4425	9,0245	10,283	1,7519	,4485
(21)vs(3- 35)	14,2501	8,6818	2,2585	4,3798	74,3519
(55)vs(33- 53)	7,1025	8,7137	1,1215	2,6279	71,1983

Tratamento	Média	Grupo
54 Trat54	55,154	a
37 Trat37	43,54	b
55 Trat55	30,592	c
33 Trat33	27,474	c
53 Trat53	27,182	c
21 Trat21	22,932	d
3 Trat3	19,774	d
25 Trat25	19,38	d
5 Trat5	18,054	d
35 Trat35	17,638	d
20 Trat20	13,538	e
48 Trat48	10,64	e
51 Trat51	10,212	e
43 Trat43	10,02	e
41 Trat41	9,57	e
45 Trat45	9,532	e
31 Trat31	9,472	e
40 Trat40	9,204	e
30 Trat30	8,408	e
47 Trat47	8,364	e
46 Trat46	8,02	e
27 Trat27	7,926	e
29 Trat29	7,64	e
39 Trat39	7,484	e
11 Trat11	7,364	e
8 Trat8	6,672	e
34 Trat34	6,476	e
38 Trat38	6,372	e
9 Trat9	6,134	e
44 Trat44	6,068	e
50 Trat50	5,49	e
49 Trat49	5,408	e
10 Trat10	5,108	e
12 Trat12	4,778	e
28 Trat28	4,752	e
16 Trat16	4,55	e
26 Trat26	4,5	e
18 Trat18	3,36	e
32 Trat32	3,232	e
2 Trat2	3,138	e
14 Trat14	2,984	e
1 Trat1	2,872	e
36 Trat36	2,812	e
22 Trat22	2,462	e
7 Trat7	2,378	e
52 Trat52	2,192	e
6 Trat6	2,17	e
24 Trat24	2,11	e
17 Trat17	1,87	e
42 Trat42	1,782	e
19 Trat19	1,67	e
13 Trat13	1,54	e
23 Trat23	1,36	e
15 Trat15	1,322	e
4 Trat4	1,23	e

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 35)vs(20- 23)	3573,4744	24,467	200,9644	48,1783	,0
(20- 9)vs(49- 23)	309,258	8,0408	52,921	39,4186	7,3648
(54- 37)vs(55- 35)	838,4515	11,9136	96,8378	8,7597	,0
(55- 33)vs(21- 35)	126,588	8,1463	21,3816	7,0078	,3391
(54)vs(37)	44,3117	7,9293	7,6894	1,7519	1,5956
(21)vs(25- 35)	9,4119	7,6823	1,6858	4,3798	83,7669
(55)vs(53- 33)	2,1218	7,7052	,3789	2,6279	91,3749

Tratamento	Média	Grupo
54 Trat54	49,138	a
37 Trat37	39,724	b
55 Trat55	27,864	c
53 Trat53	26,336	c
33 Trat33	25,824	c

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

21	Trat21	21,202	d
25	Trat25	18,712	d
3	Trat3	18,342	d
5	Trat5	17,632	d
35	Trat35	16,402	d
20	Trat20	12,978	e
48	Trat48	10,336	e
51	Trat51	10,042	e
43	Trat43	9,978	e
45	Trat45	9,43	e
41	Trat41	9,332	e
40	Trat40	8,942	e
31	Trat31	8,696	e
47	Trat47	8,364	e
30	Trat30	8,2	e
27	Trat27	7,656	e
46	Trat46	7,464	e
29	Trat29	7,142	e
39	Trat39	7,06	e
11	Trat11	7,01	e
38	Trat38	6,344	e
8	Trat8	6,262	e
34	Trat34	6,256	e
44	Trat44	5,784	e
9	Trat9	5,72	e
49	Trat49	5,344	e
50	Trat50	4,928	e
10	Trat10	4,702	e
28	Trat28	4,65	e
16	Trat16	4,492	e
12	Trat12	4,398	e
26	Trat26	4,292	e
18	Trat18	3,282	e
2	Trat2	3,052	e
14	Trat14	2,924	e
32	Trat32	2,902	e
1	Trat1	2,872	e
36	Trat36	2,812	e
22	Trat22	2,404	e
7	Trat7	2,262	e
24	Trat24	2,074	e
52	Trat52	1,98	e
6	Trat6	1,952	e
17	Trat17	1,87	e
42	Trat42	1,758	e
19	Trat19	1,67	e
13	Trat13	1,47	e
15	Trat15	1,322	e
4	Trat4	1,23	e
23	Trat23	1,21	e

Corte 5

```

=====
Programa GENES                               Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados                             C:\Users\Usuário\Documents\genes\corte 5.dat
Número de variáveis                          2
Número de genótipos                          55
Número de testemunhas                        0
Data                                          01-22-2010
=====

```

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	210641,463479	3900,767842	24,7803	,0
RESÍDUO	220	34631,0407	157,413821		
TOTAL	274	245272,5042			
MÉDIA geral			23,9500727272727		
CV (%)			52,3859222977381		
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos					
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)				780,153568	
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)				31,482764	
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)				748,670804	
HERDABILIDADE (US: média da família) - %				95,9645	
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %				82,627	
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)				114,2454	
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos				2,1808	
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES				5,	

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	148856,58954	2756,60351	23,5033	,0
RESÍDUO	220	25802,8231	117,28556		
TOTAL	274	174659,4126			
MÉDIA geral			21,6459636363636		
CV (%)			50,0317101079777		
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos					
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)				551,320702	
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)				23,457112	
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)				527,86359	
HERDABILIDADE (US: média da família) - %				95,7453	
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %				81,8204	
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)				106,1412	
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos				2,1215	
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES				5,	
COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS					
780,153568	651,920184				
651,920184	551,320702				
COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS					
748,670804	625,292668				
625,292668	527,86359				
COVARIÂNCIAS RESIDUAIS					
157,413821	133,137582				
133,137582	117,28556				
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS					
1,	,994				
,994	1,				
CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS					
1,	,9947				
,9947	1,				
CORRELAÇÕES RESIDUAIS					
1,	,9798				
,9798	1,				
=====					
Programa GENES	Agrupamento de Médias				
Arquivo de dados	C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat				
Número de variáveis	2				
Graus de Liberdade do Residuo	220				
Número de Repetições	5				
Nível de Significância	5				
Número de Tratamentos	55				
Testes comparativos de médias	Scott-Knott Original				
Arquivo com os QMR					
Data	01-22-2010				
=====					
Teste : Scott e Knott					
VARIÁVEL: x 1	QMR: 157,	Nível: 5	GLRes : 220	N.Rep : 5	
Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 51)vs(5- 15)	27365,7955	178,3138	211,1698	48,1783	,0
(5- 30)vs(9- 15)	6467,5361	55,7375	159,6614	43,7985	,0
(54)vs(55- 51)	5333,7046	60,1305	122,0514	4,3798	,0
(9- 34)vs(50- 15)	852,2413	31,4448	37,2926	30,6589	19,0077
(5- 47)vs(40- 30)	390,2244	31,7922	16,889	13,1395	21,1515
(55)vs(53- 51)	1190,7778	36,5878	44,782	3,5039	,0
(53)vs(37- 51)	87,6002	31,4121	3,8372	2,6279	22,5634
Tratamento	Média	Grupo			
54 AZULAO	159,81	a			
55 BAI0	108,042	b			
53 95N	75,838	c			
37 48N	66,53	c			
51 92N	62,22	c			
5 V4	44,612	d			
33 30N	42,272	d			
20 V41	41,528	d			
43 70N	38,81	d			

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

3 BAG	37,412	d
35 36N	35,62	d
48 83N	35,08	d
21 V42	34,36	d
27 V67	34,218	d
8 V10	33,962	d
47 80N	32,92	d
40 66N	28,378	d
41 67N	27,38	d
25 V51	24,368	d
30 16N	23,118	d
9 V12	21,172	e
2 AR	21,162	e
31 17N	19,64	e
45 73N	17,056	e
28 V69	15,46	e
38 49N	15,38	e
29 13N	15,002	e
26 V66	14,348	e
24 V50	14,338	e
39 51N	14,138	e
18 V32	14,02	e
22 V47	12,072	e
46 79N	11,558	e
49 87N	11,422	e
34 33N	10,462	e
50 89N	9,58	e
12 V24	8,942	e
44 71N	8,408	e
32 20N	7,458	e
10 V13	6,612	e
16 V30	6,44	e
17 V31	5,918	e
1 pensacola	5,778	e
42 69N	5,3	e
52 93N	5,118	e
6 V5	4,94	e
11 V23	4,732	e
19 V35	4,66	e
36 37N	4,582	e
7 V9	3,698	e
4 V2	2,968	e
14 V27	2,458	e
23 V49	2,252	e
13 V26	2,13	e
15 V29	1,572	e

VARIÁVEL: x 2 QMR: 117, Nível: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 37)vs(51- 15)	18522,2421	126,9793	200,7101	48,1783	,0
(51- 30)vs(2- 15)	6544,5149	49,6912	181,2201	44,6744	,0
(54)vs(55- 37)	2726,1028	36,0658	104,0052	3,5039	,0
(2- 34)vs(50- 15)	837,5502	24,2777	47,4692	31,5349	3,4086
(51- 47)vs(40- 30)	420,0155	24,9137	23,1972	13,1395	4,1448
(55)vs(53- 37)	185,126	24,0029	10,6124	2,6279	,9952
(50- 1)vs(42- 15)	59,6599	21,8294	3,7605	17,5194	99,972
(2- 45)vs(38- 34)	107,0439	22,4004	6,5753	14,0155	95,0001
(40- 25)vs(30)	1,3557	23,0926	,0808	2,6279	98,7412
(51- 5)vs(33- 47)	218,6263	23,4184	12,8456	10,5116	26,7362
(53)vs(37)	19,5187	23,2771	1,1538	1,7519	50,3495

Tratamento	Média	Grupo
54 AZULAO	132,39	a
55 BAI0	83,21	b
53 95N	69,67	c
37 48N	63,422	c
51 92N	48,53	d
5 V4	43,962	d
33 30N	39,202	d
20 V41	38,026	d
43 70N	36,77	d
3 Bagual	35,73	d
21 V42	33,982	d
35 36N	33,96	d
27 V67	32,688	d
48 83N	32,658	d
8 V10	32,63	d
47 80N	32,282	d
40 66N	24,328	e
25 V51	23,568	e
30 16N	22,522	e
2 AR	20,442	f
31 17N	18,96	f
9 V12	18,458	f
41 67N	17,318	f
45 73N	16,94	f
38 49N	14,992	f
28 V69	14,328	f
26 V66	14,198	f

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

24 V50	13,67	f
39 51N	13,432	f
18 V32	13,282	f
29 13N	12,852	f
22 V47	12,072	f
49 87N	11,332	f
46 79N	11,038	f
34 33N	10,08	f
50 89N	9,18	g
44 71N	8,34	g
12 V24	8,162	g
32 20N	6,36	g
16 V30	6,342	g
10 V13	6,32	g
17 V31	5,71	g
1 pensacola	5,55	g
42 69N	5,128	g
52 93N	4,738	g
11 V23	4,668	g
6 V5	4,592	g
36 37N	4,458	g
19 V35	4,292	g
7 V9	2,98	g
4 V2	2,762	g
14 V27	2,4	g
13 V26	2,08	g
23 V49	2,03	g
15 V29	1,512	g

Corte 6

```

=====
Programa GENES                               Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados                             C:\Users\Usuário\Documents\genes\corte 6.dat
Número de variáveis                           2
Número de genótipos                          55
Número de testemunhas                         0
Data                                           01-22-2010
=====

```

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	433417,633498	8026,252472	49,2038	,0
RESÍDUO	220	35886,9467	163,122485		
TOTAL	274	469304,5802			
MÉDIA geral			28,2765454545455		
CV (%)			45,1679691118542		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	1605,250494
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	32,624497
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	1572,625997
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	97,9676
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %	90,6022
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	140,2447
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	3,105
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	252544,180644	4676,744086	48,4858	,0
RESÍDUO	220	21220,3272	96,456033		
TOTAL	274	273764,5078			
MÉDIA geral			22,9803636363636		
CV (%)			42,7373708152778		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	935,348817
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	19,291207
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	916,057611
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	97,9375
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %	90,4736
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	131,7057
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	3,0817

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES

5,

COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS	
1605,250494	1213,721434
1213,721434	935,348817
COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS	
1572,625997	1189,057568
1189,057568	916,057611
COVARIÂNCIAS RESIDUAIS	
163,122485	123,319331
123,319331	96,456033
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS	
1, ,9905	
,9905	1,
CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS	
1, ,9907	
,9907	1,
CORRELAÇÕES RESIDUAIS	
1, ,9831	
,9831	1,

```

=====
Programa GENES                Agrupamento de Médias
Arquivo de dados              C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat
Número de variáveis          2
Graus de Liberdade do Residuo 220
Número de Repetições         5
Nível de Significância       5
Número de Tratamentos        55
Testes comparativos de médias Scott-Knott Original
Arquivo com os QMR
Data                          01-22-2010
=====

```

Teste : Scott e Knott

VARIÁVEL: x 1 QMR: 163, Nível: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 53)vs(33- 50)	66625,8336	341,2928	268,6113	48,1783	,0
(33- 41)vs(34- 50)	9028,2046	71,328	174,1606	43,7985	,0
(54- 37)vs(55- 53)	7412,8603	67,3028	151,5519	4,3798	,0
(34- 36)vs(26- 50)	982,8807	32,8375	41,185	33,2868	16,308
(33- 3)vs(35- 41)	1227,1985	38,4926	43,8678	10,5116	,0007
(55)vs(5- 53)	232,4041	33,5227	9,5392	2,6279	1,63
(54)vs(37)	254,7024	33,4536	10,4761	1,7519	,4088
(35- 43)vs(48- 41)	197,6158	32,5324	8,3582	8,7597	52,4661
(33)vs(3)	220,6261	33,3001	9,1163	1,7519	,7891
(5)vs(53)	71,1624	32,6269	3,0011	1,7519	18,1951

Tratamento	Média	Grupo
54 AZULAO	196,782	a
37 48N	174,212	b
55 BAI0	119,348	c
5 V4	106,642	d
53 95N	94,712	d
33 30N	74,298	e
3 BAG	53,292	f
35 36N	46,858	g
8 V10	42,69	g
45 73N	39,97	g
20 V41	38,27	g
43 70N	37,738	g
48 83N	36,088	g
21 V42	35,29	g
25 V51	33,15	g
47 80N	28,542	g
41 67N	28,002	g
34 33N	21,892	h
2 AR	21,002	h
39 51N	18,952	h
51 92N	18,512	h
31 17N	17,104	h
18 V32	16,914	h
29 13N	15,842	h
40 66N	15,69	h
12 V24	14,772	h
16 V30	14,518	h
44 71N	14,128	h

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

9 V12	13,902	h
49 89N	12,69	h
28 V69	11,682	h
17 V31	11,59	h
22 V47	11,538	h
36 37N	10,59	h
26 V66	9,24	h
11 V23	9,24	h
42 69N	8,25	h
24 V50	8,1	h
14 V27	7,928	h
46 79N	7,3	h
10 V13	6,888	h
30 16N	6,14	h
32 20N	5,622	h
1 pensacola	5,272	h
4 V2	5,05	h
27 V67	4,596	h
52 93N	4,25	h
7 V9	4,07	h
19 V35	3,938	h
15 V29	3,618	h
13 V26	3,2	h
6 V5	1,652	h
23 V49	1,502	h
38 49N	1,34	h
50 89N	,812	h

VARIÁVEL: x 2 QMR: 96, Nivel: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5					
Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(37- 33)vs(3- 50)	39762,1282	199,0285	274,8926	48,1783	,0
(3- 34)vs(2- 50)	5238,7772	40,6201	177,459	42,9225	,0
(37- 54)vs(55- 33)	3481,6133	36,5837	130,9489	5,2558	,0
(2- 28)vs(26- 50)	598,8345	19,6399	41,9543	33,2868	14,3849
(3- 35)vs(20- 34)	476,4421	20,9737	31,2567	9,6357	,0459
(55- 53)vs(33)	543,6764	21,3268	35,0771	3,5039	,0001
(37)vs(54)	9,0993	19,068	,6566	1,7519	66,5475
(20- 47)vs(48- 34)	96,3103	19,0789	6,9459	6,1318	33,9709
(3)vs(8- 35)	36,3869	19,0249	2,6317	3,5039	54,3612
(55- 5)vs(53)	8,0597	18,9844	,5842	2,6279	85,7901

Tratamento	Média	Grupo
37 48N	136,018	a
54 AZULAO	131,752	a
55 BAI0	91,53	b
5 V4	89,82	b
53 95N	87,198	b
33 30N	62,592	c
3 BAG	46,72	d
8 V10	40,642	d
45 73N	39,412	d
35 36N	39,21	d
20 V41	31,608	e
43 70N	30,768	e
21 V42	30,628	e
25 V51	30,06	e
47 80N	27,74	e
48 83N	22,96	e
34 33N	20,94	e
2 AR	19,56	f
41 67N	17,16	f
31 17N	16,204	f
18 V32	16,122	f
39 51N	14,198	f
51 92N	12,872	f
12 V24	12,11	f
16 V30	11,648	f
29 13N	11,632	f
44 71N	11,2	f
40 66N	10,522	f
17 V31	10,242	f
49 89N	9,95	f
22 V47	9,908	f
36 37N	9,802	f
9 V12	9,36	f
28 V69	8,66	f
26 V66	7,268	f
24 V50	7,11	f
10 V13	6,888	f
46 79N	6,768	f
14 V27	6,324	f
11 V23	6,292	f
42 69N	6,048	f
30 16N	5,68	f
32 20N	5,47	f
1 pensacola	4,878	f
27 V67	4,412	f
52 93N	3,888	f
19 V35	3,83	f

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

4 V2	3,6	f
7 V9	3,482	f
15 V29	3,458	f
13 V26	2,6	f
6 V5	1,652	f
23 V49	1,372	f
38 49N	1,34	f
50 89N	,812	f

Cortes Período de Verão

```

=====
Programa GENES                               Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados                             C:\Users\Usuário\Documents\genes\avaliacao verao.dat
Número de variáveis                           2
Número de genótipos                          55
Número de testemunhas                         0
Data                                           01-22-2010
=====

```

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	670464,959144	12416,017762	10,1745	,0
RESÍDUO	220	268468,6136	1220,31188		
TOTAL	274	938933,5727			
MÉDIA geral			46,8448		
CV (%)			74,571697727531		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	2483,203552
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	244,062376
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	2239,141176
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	90,1715
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %	64,7253
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	101,0135
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1,3546
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	125113,9485	2316,924972	8,811	,0
RESÍDUO	220	57850,7862	262,958119		
TOTAL	274	182964,7347			
MÉDIA geral			24,6972363636364		
CV (%)			65,6591013112296		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	463,384994
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	52,591624
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	410,793371
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	88,6506
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %	60,9711
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	82,066
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	1,2499
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS

2483,203552 1042,148798
1042,148798 463,384994

COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS

2239,141176 937,118153
937,118153 410,793371

COVARIÂNCIAS RESIDUAIS

1220,31188 525,153227
525,153227 262,958119

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS

1, ,9715

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

,9715 1,

CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS

1, ,9771
,9771 1,

CORRELAÇÕES RESIDUAIS

1, ,9271
,9271 1,

```

=====
Programa GENES                Agrupamento de Médias
Arquivo de dados              C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat
Número de variáveis           2
Graus de Liberdade do Resíduo 220
Número de Repetições         5
Nível de Significância       5
Número de Tratamentos        55
Testes comparativos de médias Scott-Knott Original
Arquivo com os QMR
Data                          01-22-2010
=====

```

Teste : Scott e Knott

VARIÁVEL: x 1 QMR: 1220, Nível: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(55- 54)vs(43- 4)	93623,0963	682,8109	188,665	48,1783	,0
(43- 47)vs(25- 4)	28161,285	337,5113	114,8082	44,6744	,0
(55)vs(37- 54)	2588,8481	251,6265	14,1566	3,5039	,4589
(25- 24)vs(10- 4)	2643,122	225,1388	16,1538	31,5349	98,919
(43- 3)vs(41- 47)	4970,5216	252,5479	27,0811	13,1395	1,2998
(37- 53)vs(54)	93,2361	241,1457	,532	2,6279	87,2214
(41- 40)vs(21- 47)	323,8682	236,053	1,8879	7,8837	98,1675
(43- 48)vs(51- 3)	222,3619	238,9473	1,2805	5,2558	94,7408

Tratamento	Média	Grupo
55 Trat55	238,23	a
37 Trat37	184,482	b
53 Trat53	182,358	b
54 Trat54	171,594	b
43 Trat43	106,364	c
48 Trat48	98,832	c
51 Trat51	93,98	c
33 Trat33	93,076	c
5 Trat5	88,274	c
3 Trat3	83,406	c
41 Trat41	64,48	d
31 Trat31	63,268	d
35 Trat35	62,028	d
45 Trat45	61,086	d
29 Trat29	59,548	d
40 Trat40	56,026	d
21 Trat21	50,516	d
27 Trat27	47,462	d
47 Trat47	47,064	d
25 Trat25	44,88	e
15 Trat15	42,24	e
20 Trat20	40,052	e
34 Trat34	39,484	e
38 Trat38	31,73	e
39 Trat39	31,144	e
17 Trat17	28,006	e
42 Trat42	26,504	e
8 Trat8	26,038	e
2 Trat2	25,02	e
9 Trat9	24,92	e
14 Trat14	24,048	e
46 Trat46	23,324	e
44 Trat44	22,69	e
30 Trat30	22,68	e
24 Trat24	22,47	e
10 Trat10	19,266	e
11 Trat11	19,178	e
26 Trat26	19,01	e
49 Trat49	17,954	e
32 Trat32	17,176	e
16 Trat16	16,808	e
52 Trat52	14,714	e
12 Trat12	13,462	e
28 Trat28	12,942	e
1 Trat1	12,834	e
18 Trat18	12,008	e
13 Trat13	11,684	e
36 Trat36	10,17	e
6 Trat6	9,86	e
7 Trat7	9,076	e

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	1563340,924378	28950,757859	73,3348	,0
RESÍDUO	220	86850,4962	394,774983		
TOTAL	274	1650191,4206			
MÉDIA geral			61,7885454545454		
CV (%)			32,1563568747201		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	5790,151572
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	78,954997
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	5711,196575
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	98,6364
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	93,5346
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	122,3082
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	3,8035
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	1024285,382114	18968,247817	70,51	,0
RESÍDUO	220	59183,3416	269,015189		
TOTAL	274	1083468,7237			
MÉDIA geral			53,6449454545455		
CV (%)			30,5745161430477		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	3793,649563
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	53,803038
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	3739,846526
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	98,5818
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	93,2895
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	113,9982
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	3,7285
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS

5790,151572 4663,41267
4663,41267 3793,649563

COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS

5711,196575 4599,304449
4599,304449 3739,846526

COVARIÂNCIAS RESIDUAIS

394,774983 320,541108
320,541108 269,015189

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS

1, ,995
,995 1,

CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS

1, ,9952
,9952 1,

CORRELAÇÕES RESIDUAIS

1, ,9836
,9836 1,

```

=====
Programa GENES                Agrupamento de Médias
Arquivo de dados              C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat
Número de variáveis           2
Graus de Liberdade do Residuo 220
Número de Repetições          5
Nível de Significância        5
Número de Tratamentos         55
Testes comparativos de médias  Scott-Knott Original
Arquivo com os QMR
Data                          01-22-2010
=====

```

Teste : Scott e Knott

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 5)vs(33- 23)	225359,4489	1200,0152	258,4031	48,1783	,0
(33- 41)vs(40- 23)	40130,1417	255,5944	216,037	43,7985	,0
(54)vs(37- 5)	27208,5891	235,4234	159,0249	4,3798	,0
(40- 16)vs(24- 23)	4417,7831	91,618	66,3487	32,4109	,0418
(33- 3)vs(35- 41)	3398,7213	97,2984	48,0639	11,3876	,0003
(37- 55)vs(53- 5)	7675,8626	115,0075	91,8354	3,5039	,0
(24- 42)vs(1- 23)	435,3073	75,0259	7,9835	16,6434	96,1147
(40- 30)vs(18- 16)	923,6689	77,8691	16,3215	15,7674	41,4398
(35- 48)vs(25- 41)	1044,0679	80,989	17,7383	9,6357	5,0783
(33)vs(3)	563,3382	80,6276	9,6138	1,7519	,6195
(53)vs(5)	403,9619	79,9097	6,9558	1,7519	2,3053
(37)vs(55)	345,8449	79,648	5,9747	1,7519	3,7974
Treatamento	Média	Grupo			
54 AZULAO	411,746	a			
37 48N	284,282	b			
55 BAI0	257,982	c			
53 95N	197,732	d			
5 V4	169,308	e			
33 30N	144,044	f			
3 BAG	110,478	g			
35 36N	100,116	h			
20 V41	93,336	h			
21 V42	92,582	h			
51 92N	90,944	h			
43 70N	86,568	h			
8 V10	83,324	h			
48 83N	81,808	h			
25 V51	76,898	h			
47 80N	69,826	h			
45 73N	66,558	h			
41 67N	64,952	h			
40 66N	53,272	i			
27 V67	46,74	i			
31 17N	46,216	i			
2 AR	45,302	i			
9 V12	41,208	i			
39 51N	40,574	i			
34 33N	38,83	i			
29 13N	38,484	i			
30 16N	37,666	i			
18 V32	34,294	i			
28 V69	31,894	i			
49 87N	29,52	i			
44 71N	28,604	i			
12 V24	28,492	i			
26 V66	28,088	i			
46 79N	26,878	i			
22 V47	26,072	i			
16 V30	25,508	i			
24 V50	24,548	j			
38 49N	23,092	j			
11 V23	21,336	j			
17 V31	19,378	j			
10 V13	18,608	j			
36 37N	17,984	j			
32 20N	16,312	j			
50 89N	15,882	j			
42 69N	15,332	j			
1 pensacola	13,922	j			
14 V27	13,37	j			
52 93N	11,56	j			
19 V35	10,268	j			
7 V9	10,146	j			
4 V2	9,248	j			
6 V5	8,762	j			
13 V26	6,87	j			
15 V29	6,512	j			
23 V49	5,114	j			

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 33)vs(3- 23)	149990,391	787,9748	261,9147	48,1783	,0
(3- 45)vs(27- 23)	25967,8615	165,4188	216,0031	42,9225	,0
(54- 37)vs(55- 33)	16136,8535	150,624	147,4122	5,2558	,0
(27- 22)vs(24- 23)	3867,8623	67,1704	79,2322	33,2868	,0014
(3- 20)vs(8- 45)	836,8544	56,4321	20,4048	9,6357	2,1538
(55- 53)vs(5- 33)	2850,2785	67,6678	57,9581	3,5039	,0
(54)vs(37)	2746,5907	65,6873	57,5335	1,7519	,0
(24- 32)vs(1- 23)	459,8511	51,914	12,1883	17,5194	81,5634
(27- 30)vs(39- 22)	775,8496	53,9443	19,7898	15,7674	21,726
(8- 43)vs(25- 45)	135,6309	52,91	3,5272	6,1318	75,6123
(3)vs(35- 20)	164,1321	53,6804	4,2071	3,5039	30,8019
(5)vs(33)	283,1248	54,5907	7,1362	1,7519	2,105

VARIÁVEL: x 2 QMR: 269, Nivel: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

(55)vs(53)	188,18	54,163	4,7806	1,7519	7,0515
Tratamento	Média	Grupo			
54 AZULAO	313,28	a			
37 48N	239,164	b			
55 BAI0	202,604	c			
53 95N	183,204	c			
5 V4	151,414	d			
33 30N	127,618	e			
3 BAG	100,792	f			
35 36N	89,572	f			
21 V42	85,812	f			
20 V41	82,612	f			
8 V10	79,534	g			
43 70N	77,516	g			
25 V51	72,34	g			
51 92N	71,444	g			
47 80N	68,386	g			
48 83N	65,954	g			
45 73N	65,782	g			
27 V67	44,756	h			
31 17N	43,86	h			
41 67N	43,81	h			
40 66N	43,792	h			
2 AR	43,054	h			
34 33N	37,276	h			
30 16N	36,402	h			
39 51N	34,69	h			
9 V12	33,538	h			
18 V32	32,686	h			
29 13N	31,626	h			
28 V69	27,638	h			
49 87N	26,626	h			
26 V66	25,758	h			
44 71N	25,324	h			
46 79N	25,27	h			
12 V24	24,67	h			
22 V47	24,384	h			
24 V50	22,854	i			
38 49N	22,676	i			
16 V30	22,482	i			
11 V23	17,97	i			
10 V13	17,91	i			
17 V31	17,822	i			
36 37N	17,072	i			
50 89N	14,92	i			
32 20N	14,732	i			
1 pensacola	13,3	i			
42 69N	12,934	i			
14 V27	11,648	i			
52 93N	10,606	i			
19 V35	9,792	i			
7 V9	8,724	i			
6 V5	8,196	i			
4 V2	7,592	i			
15 V29	6,292	i			
13 V26	6,15	i			
23 V49	4,612	i			

Estadística Total dos Cortes

```

=====
Programa GENES                               Inteiramente ao acaso com testemunhas adicionais
Arquivo de dados                             C:\Users\Usuário\Documents\genes\total com os guenoarum.dat
Número de variáveis                           2
Número de genótipos                          55
Número de testemunhas                        0
Data                                          01-22-2010
=====

```

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	4761609,380468	88177,95149	53,4664	,0
RESÍDUO	220	362828,9758	1649,222617		
TOTAL	274	5124438,3563			
MÉDIA geral			111,345163636364		
CV (%)			36,4727309652788		
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos					
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)				17635,590298	

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	329,844523
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	17305,745775
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	98,1297
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	91,2993
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	118,1473
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	3,2393
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => x 2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
TRATAMENTOS	54	2196428,269049	40674,597575	67,8233	,0
RESÍDUO	220	131937,0954	599,71407		
TOTAL	274	2328365,3644			
MÉDIA geral			80,9853090909091		
CV (%)			30,2388920725646		

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS- Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	8134,919515
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	119,942814
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	8014,976701
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	98,5256
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	93,0385
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	110,5465
RAZÃO CVg/CVe - Média dos genótipos	3,6558
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	5,

COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS

17635,590298	11918,190385
11918,190385	8134,919515

COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS

17305,745775	11736,336475
11736,336475	8014,976701

COVARIÂNCIAS RESIDUAIS

1649,222617	909,269551
909,269551	599,71407

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS

1, ,995
,995 1,

CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS

1, ,9965
,9965 1,

CORRELAÇÕES RESIDUAIS

1, ,9143
,9143 1,

```

=====
Programa GENES                Agrupamento de Médias
Arquivo de dados              C:\Users\Usuário\Documents\genes\med.dat
Número de variáveis          2
Graus de Liberdade do Residuo 220
Número de Repetições         5
Nível de Significância       5
Número de Tratamentos        55
Testes comparativos de médias Scott-Knott Original
Arquivo com os QMR
Data                          01-22-2010
=====

```

Teste : Scott e Knott

VARIÁVEL: x 1 QMR: 1649, Nível: 5 GLRes : 220 N.Rep : 5

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade (%)
(54- 53) vs (5- 23)	718234,3123	3726,8286	265,1768	48,1783	,0
(5- 40) vs (29- 23)	140061,3319	961,4119	200,4553	44,6744	,0
(54- 55) vs (37- 53)	36071,1258	529,7185	93,6965	3,5039	,0
(29- 30) vs (38- 23)	9586,2896	344,7236	38,2638	30,6589	16,2181
(5- 48) vs (35- 40)	24966,6625	445,4779	77,1157	14,0155	,0
(37) vs (53)	3931,5392	344,5385	15,7012	1,7519	,0362
(54) vs (55)	6098,2759	354,2985	23,6835	1,7519	,0011

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias (Teste Scott & Knott).

(35- 21) vs (20- 40)	1738,3368	326,7502	7,3203	8,7597	58,1368
(5- 33) vs (3- 48)	4681,6981	343,2283	18,7685	5,2558	,2753
(3- 43) vs (51- 48)	112,9119	324,4578	,4788	3,5039	95,2902
(5) vs (33)	209,3467	327,7718	,8788	1,7519	58,733

Tratamento	Média	Grupo
54 AZULAO	669,57	a
55 BAI0	559,132	b
37 48N	468,764	c
53 95N	380,09	d
5 V4	257,582	e
33 30N	237,12	e
3 BAGUAL	193,884	f
43 70N	192,932	f
51 92N	184,924	f
48 83N	180,64	f
35 36N	162,144	g
21 V42	143,098	g
20 V41	133,388	g
41 67N	129,432	g
45 73N	127,644	g
25 V51	121,778	g
47 80N	116,89	g
31 17N	109,484	g
8 V10	109,362	g
40 66N	109,298	g
29 13N	98,032	h
27 V67	94,202	h
34 33N	78,314	h
39 51N	71,718	h
2 AR	70,322	h
9 V12	66,128	h
30 16N	60,346	h
38 49N	54,822	h
44 71N	51,294	h
46 79N	50,202	h
15 V29	48,752	h
49 89N	47,474	h
17 V31	47,384	h
26 V66	47,098	h
24 V50	47,018	h
18 V32	46,302	h
28 V69	44,836	h
16 V30	42,316	h
12 V24	41,954	h
42 69N	41,836	h
11 V23	40,514	h
10 V13	37,874	h
14 V27	37,418	h
22 V47	33,858	h
32 20N	33,488	h
36 37N	28,154	h
1 PENSACOLA	26,756	h
52 93N	26,274	h
50 89N	24,882	h
7 V9	19,222	h
6 V5	18,622	h
13 V26	18,554	h
19 V35	16,258	h
4 V2	13,57	h
23 V49	11,034	h

Partição	Bo	V ²	Lambda	GL	Probabilidade(%)
(54- 53) vs (5- 23)	324458,421	1693,2424	263,6627	48,1783	,0
(5- 31) vs (41- 23)	72320,3244	452,7737	219,7798	44,6744	,0
(54) vs (55- 53)	14280,3781	200,1676	98,1645	3,5039	,0
(41- 38) vs (9- 23)	7955,3341	149,9464	73,0014	32,4109	,0062
(5- 33) vs (3- 31)	9442,8197	163,2527	79,5884	12,2636	,0
(55- 37) vs (53)	3561,1397	137,0277	35,7593	2,6279	,0
(9- 36) vs (50- 23)	2320,6284	118,6515	26,9117	24,5271	33,5355
(41- 34) vs (2- 38)	970,3545	120,1367	11,1138	7,8837	18,6676
(3- 21) vs (48- 31)	1630,2346	123,6321	18,1438	10,5116	6,4526
(5) vs (33)	75,6696	119,0616	,8745	1,7519	58,8759
(55) vs (37)	640,0327	121,6038	7,2421	1,7519	1,9959

Tratamento	Média	Grupo
54 AZULAO	458,73	a
55 BAI0	362,994	b
37 48N	327,216	c
53 95N	272,018	d
5 V4	190,46	e
33 30N	178,158	e
3 BAGUAL	137,802	f
43 70N	125,834	f
35 36N	124,096	f
21 V42	118,566	f
48 83N	110,15	f

Apêndice 3. Continuação... Análise de Variância e Comparação entre médias
(Teste Scott & Knott).

51 92N	109,844	f
47 80N	105,942	f
20 V41	104,896	f
8 V10	101,384	f
25 V51	100,85	f
45 73N	97,868	f
31 17N	83,86	f
41 67N	76,572	g
40 66N	75,086	g
27 V67	74,786	g
34 33N	68,692	g
2 AR	62,02	g
29 13N	55,804	g
39 51N	51,216	g
30 16N	47,76	g
38 49N	47,638	g
9 V12	43,754	h
18 V32	41,332	h
44 71N	40,898	h
46 79N	40,816	h
15 V29	40,342	h
24 V50	38,498	h
49 89N	37,15	h
17 V31	36,45	h
28 V69	35,286	h
26 V66	34,808	h
10 V13	33,12	h
16 V30	33,04	h
42 69N	30,818	h
12 V24	30,298	h
22 V47	29,334	h
11 V23	27,67	h
14 V27	26,414	h
32 20N	25,82	h
36 37N	25,166	h
50 89N	20,83	h
1 PENSACOLA	20,354	h
52 93N	17,358	h
6 V5	15,126	h
19 V35	14,784	h
7 V9	13,568	h
13 V26	11,47	h
4 V2	10,346	h
23 V49	9,1	h

Apêndice 4. Continuação... Matriz de similaridade genética de 51 acessos de *P. notatum* analisados através da técnica de microssatélites.

	71N	73N	79N	80N	83N	89N	92N	93N	95N
71N	---								
73N	0,08	---							
79N	0,11	0,42	---						
80N	0,10	0,36	0,35	---					
83N	0,18	0,18	0,31	0,50	---				
89N	0,09	0,12	0,23	0,38	0,19	---			
92N	0,00	0,08	0,22	0,14	0,17	0,44	---		
93N	0,00	0,00	0,00	0,14	0,08	0,44	0,33	---	
95N	0,10	0,13	0,15	0,27	0,29	0,42	0,33	0,33	---

8. VITA

Juliana Maria Fachinetto, filha de Jandir Antonio Fachinetto e Iria Ozelame Fachinetto, nasceu em 5 de setembro de 1985 no município de Espumoso – RS. Concluiu o Ensino Médio no Instituto Estadual de 1º e 2º graus Dr. Ruy Piégas da Silveira, em Espumoso, no ano 2003.

Ingressou no Curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Santa Maria em 2004, graduando-se como Bióloga, Habilitação Bacharelado em 2007.

Em março de 2008, iniciou o Mestrado em Zootecnia, Área de Concentração Plantas Forrageiras, no Programa de Pós Graduação da Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.