



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS**  
**GENÉTICOS VEGETAIS**



**CARLA TATIANA DE VASCONCELOS DIAS MARTINS**

**CARACTERIZAÇÃO E ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE**  
**ACESSOS DE *Urochloa***

Feira de Santana – BA  
2024

**CARLA TATIANA DE VASCONCELOS DIAS MARTINS**

**CARACTERIZAÇÃO E ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE**

**ACESSOS DE *Urochloa***

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, da Universidade Estadual de Feira de Santana como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Recursos Genéticos Vegetais.

**Orientador:** Dr. Nataniel Franklin Melo

**Coorientadores:** Dra. Rafaela Priscila Antonio

Dra. Rita Mércia Estigarribia Borges

## BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente  
 **MANOEL ABILIO DE QUEIROZ**  
Data: 03/08/2024 15:04:40-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Prof. Dr. Manoel Abilio de Queiróz  
(Universidade do Estado da Bahia)

*Adriana Rodrigues Passos*

---

Profa. Dra. Adriana Rodrigues Passos  
(Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS)

Documento assinado digitalmente  
 **LINDOMAR MARIA DA SILVEIRA**  
Data: 02/08/2024 07:22:10-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Profa. Dra. Lindomar Maria da Silveira  
(Universidade Federal Rural do Semi-Árido)

Documento assinado digitalmente  
 **GLEYCE DE OLIVEIRA FERREIRA**  
Data: 02/08/2024 16:58:37-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Profa. Dra. Glêyce de Oliveira Ferreira  
(Universidade Federal do ABC)

Documento assinado digitalmente  
 **NATONIEL FRANKLIN DE MELO**  
Data: 30/07/2024 10:33:47-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Prof. Dr. Natoniel Franklin de Melo  
(EMBRAPA)  
Orientador e Presidente da Banca

Feira de Santana – BA  
2024

## Ficha Catalográfica - Biblioteca Central Julieta Carteadó - UEFS

Martins, Carla Tatiana de Vasconcelos Dias Martins  
M342c Caracterização e estimativa da diversidade genética de acessos de *Urochloa*. /  
Carla Tatiana de Vasconcelos Dias Martins. – 2024.  
84 f.; il.

Orientador: Nataniel Franklin Melo  
Coorientadoras: Rafaela Priscila Antonio, Rita Mércia Estigarribia Borges

Tese (doutorado) – Universidade Estadual de Feira de Santana. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Feira de Santana, 2024.

1.Gramíneas forrageiras. 2.Descritores quantitativos. 3.Número cromossômicos. 4.Microsatélites SSR. I.Melo, Nataniel Franklin, orient. II.Antonio, Rafaela Priscila, coorient. III.Borges, Rita Mércia Estigarribia, coorient. IV.Universidade Estadual de Feira de Santana. V.Título.

CDU: 582.542.1

Maria de Fátima de Jesus Moreira - Bibliotecária - CRB-5/1120

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por sua presença em minha vida, por sempre me dar força, e disposição para vencer novos desafios, por me mostrar a melhor solução para enfrentar os obstáculos que surgiram durante este tempo.

Ao meu esposo Ricardo e aos meus filhos Rafael e Miguel, e a todos os meus familiares pelo apoio e incentivo ao longo dessa jornada.

Ao meu orientador Dr. Nataniel pela oportunidade, confiança, e por todo apoio que foi dado para que esse trabalho fosse desenvolvido e por todos os ensinamentos.

A minha coorientadora Dra. Rita Mércia por todos os ensinamentos, e por todo apoio que foi dado para que esse trabalho fosse desenvolvido.

A minha coorientadora Dra. Rafaela por todos os ensinamentos, por me ajudar na condução dos experimentos de campo, e por todo apoio que foi dado para que esse trabalho fosse desenvolvido.

Aos amigos que me apoiaram nessa caminhada: Irlane, Tiago, Ierla Carla, Kananda, Simone Sales, Raíssa, Lourival, Wilyanne, Aline e Marcos Jeamerson seja por compartilhar seus conhecimentos, por me auxiliar nos trabalhos realizados no laboratório ou nos trabalhos de campo, pelas sugestões e correções e por todos aqueles que me deram apoio psicológico e emocional. Obrigada por tudo!

Aos colegas que sempre que tinham um tempinho sobrando, foram me auxiliar nos trabalhos de campo, Lucas Peixinho, Jullie Crysclele, Aicanã, Marcos Belfor, Jonas e João Marcos.

As minhas orientandas que foram fundamentais em todos os segmentos deste trabalho, Ediane, Amanda, Bárbara Fernanda e Tamires.

À Ângela Katiussia, por todos os ensinamentos, pela paciência, pelas conversas, pela profissional competente, e a Francisco e David pela imensurável contribuição na realização deste trabalho.

Ao Alberto Vicente, pela atenção, paciência, por todas as orientações e preocupação em atender todas às minhas solicitações.

Aos professores do Programa Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, que contribuíram para o meu aprendizado.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudos, - Código de Financiamento 001.

À Embrapa Semiárido, pela parceria desenvolvida na condução do trabalho, disponibilizando suas instalações para a realização da pesquisa.

Aos que contribuíram direta ou indiretamente e que torceram por mim, meus sinceros agradecimentos!

*“Não fui Eu que lhe ordenei? Seja forte e corajoso! Não se apavore, nem se desanime, pois, o Senhor, o seu Deus, estará com você por onde você andar.”*  
*Josué 1:9*

## RESUMO

O capim do gênero *Urochloa* é uma gramínea forrageira de origem africana e está entre as espécies mais utilizadas em pastagens, além de apresentar grande importância para a agropecuária. Contudo, o uso extensivo dessas forrageiras, tem requerido genótipos cada vez mais produtivos, resistentes a pragas, a doenças e resistente ao déficit hídrico. O presente estudo tem como objetivo gerar e organizar informações de acessos do gênero *Urochloa* através da caracterização morfoagronômica, citogenética e molecular, indicando acessos com potencial futuro para o uso em programas de melhoramento genético da espécie. Para caracterização morfoagronômica, foram utilizados 15 acessos de *Urochloa* spp. com base em 24 descritores quantitativos e qualitativos de *Brachiaria*. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância, teste de agrupamento de médias de Scott-Knott, e para determinação da divergência, tanto os descritores quantitativos quanto os qualitativos foram analisados pelo método hierárquico UPGMA, a partir do qual foi gerado um dendrograma. Para a caracterização citogenética foram utilizados 13 acessos, utilizando-se como material ponta de raízes, tratadas com 8-hidroquiloneína 2mM, fixando em solução Carnoy. As raízes foram submetidas a digestão enzimática de celulase 2% e pectinase 20% e utilizou-se a técnica de coloração cromossômica com fluorocromos CMA/DAPI para localização de regiões heterocromáticas. Para a caracterização molecular, foram utilizados 21 marcadores microssatélites do tipo SSR, onde os fragmentos amplificados foram codificados para homocigoto dominante (1.1), heterocigoto (1.2) e homocigoto recessivo (2.2) para estimar as relações genéticas entre os acessos de *Urochloa*, utilizando o software Genes. Como resultado da caracterização morfoagronômica, os acessos demonstraram possuir uma grande variabilidade para a maioria dos descritores avaliados. Destacaram-se os acessos UmCO-2 (2), UmCO-13 (2), UmCO-5 (2) e UmCO-8 (1) por apresentarem características promissoras para produção de forragem, enquanto que os acessos UmCO-11 (2) e UmCO-2 (2), apresentaram maior divergência genética. Na caracterização citogenética, foram identificados acessos com  $2n=14$  para as espécies *Urochloa mosambicensis*, *U. oligotricha*, *U. advena* e *U. brachyura*, e  $2n=28$  para *U. mosambicensis* e *Urochloa* sp. A análise com dupla coloração CMA/DAPI permitiu a visualização de duas a sete bandas nos acessos diploides, enquanto que, nos acessos tetraploides, esse número variou de três a seis bandas. Quanto aos resultados das amplificações via PCR, foi possível identificar a presença de bandas polimórficas nos marcadores, possibilitando a separação dos acessos em seis grupos. Os resultados desse estudo permitem inferir que há grande variabilidade entre os acessos estudados, o que possibilita sua utilização em programas de seleção e melhoramento genético.

Palavra-chave: Gramíneas forrageiras. Descritores quantitativos. Número cromossômicos. Microssatélites SSR.

## ABSTRACT

The grass of the genus *Urochloa* is a forage grass of African origin and is among the most used species in pastures, presenting great importance for agriculture. However, the extensive use of these forages has required genotypes increasingly productive, resistant to pests, diseases, and water deficit. This study aims to generate and organize information on accesses of the genus *Urochloa* through morphoagronomic, cytogenetic, and molecular characterization, indicating genotypes with future potential for use in species breeding programs. For morphoagronomic characterization, 15 *Urochloa* spp. accesses were used based on 24 quantitative and qualitative descriptors of *Brachiaria*. The obtained data were subjected to analysis of variance, Scott-Knott means grouping test, and for divergence determination, both quantitative and qualitative descriptors were analyzed by the UPGMA hierarchical method, from which a dendrogram was generated. For cytogenetic characterization, 13 accesses were used, using root tip material treated with 2 mM 8-hydroxyquinoline, fixed in Carnoy's solution. The roots were subjected to enzymatic digestion with 2% cellulase and 20% pectinase, and the chromosome staining technique with CMA/DAPI fluorochromes was used to locate heterochromatic regions. For molecular characterization, 21 SSR microsatellite markers were used, where the amplified fragments were coded for dominant homozygote (1.1), heterozygote (1.2) e recessive homozygote (2.2) to estimate the genetic relationships between *Urochloa* accesses using Genes software. As a result of morphoagronomic characterization, the accesses showed great variability for most of the evaluated descriptors. The UmCO-2 (2), UmCO-13 (2), UmCO-5 (2), and UmCO-8 (1) accesses stood out for presenting promising characteristics for forage production, while the UmCO-11 (2) and UmCO-2 (2) accesses showed greater genetic divergence. In cytogenetic characterization, accesses with  $2n=14$  were identified for the species *U. mosambicensis*, *U. oligotricha*, *U. advena*, and *U. brachyura*, and  $2n=28$  for *U. mosambicensis* and *Urochloa* sp. The analysis with double staining CMA/DAPI allowed the visualization of two to seven bands in diploid accesses, while in tetraploid accesses, this number varied from three to six bands. Regarding the results of PCR amplifications, it was possible to identify the presence of polymorphic bands in the markers, allowing the separation of the accesses into six groups. The results of this study suggest that there is great variability among the studied accesses, which allows their use in selection and breeding programs.

Keywords: Forage grasses. Quantitative descriptors. Chromosomal numbers. SSR microsatellites.

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO 1

<b>Tabela 1.</b> Origem dos acessos do gênero <i>Urochloa</i> spp. utilizados.	35
<b>Tabela 2.</b> Resultado da análise de características químicas do solo na camada 20-40 cm.	36
<b>Tabela 3.</b> Resumo da análise de variância em blocos ao acaso da produtividade de matéria fresca (PMF) e produtividade de matéria seca (PMS) em kg/ha, avaliados em 15 acessos de capim urochloa após primeiro e segundo corte.	40
<b>Tabela 4.</b> Valores médios da produtividade de matéria fresca (PMF) e produtividade de matéria seca (PMS) em kg/ha, avaliados em 15 acessos de capim urochloa após o primeiro e segundo corte.	41
<b>Tabela 5.</b> Resumo da análise de variância de 11 descritores morfoagronômicos avaliados em 15 acessos de capim urochloa após o corte de uniformização.	44
<b>Tabela 6.</b> Teste de Scott e Knott (1974) para os dados médios de 11 descritores avaliados em 15 acessos de capim urochloa.	45

### CAPÍTULO 2

<b>Tabela 1.</b> Lista e origem dos acessos do gênero <i>Urochloa</i> spp. utilizados no presente estudo.	63
<b>Tabela 2.</b> Sequência dos marcadores SSR utilizados no trabalho com <i>Urochloa</i> spp. e suas respectivas temperaturas de anelamento. Ta= temperatura de anelamento.	66
<b>Tabela 3.</b> Número cromossômicos de acessos de <i>Urochloa</i> analisados em metáfases mitóticas.	69
<b>Tabela 4.</b> Número de alelos, frequência e conteúdo de informação do polimorfismo dos 15 SSR loci analisados em 15 acessos de <i>Urochloa</i> spp.	76

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

### CAPÍTULO 1

- Figura 1.** Dados climáticos do período de outubro 2019 a julho de 2020 registrados pela Estação Meteorológica da Embrapa Semiárido, localizada no Campo Experimental da Caatinga, em Petrolina, PE. 37
- Figura 2.** Descritores morfoagronômicos quantitativos avaliados em acessos de *Urochloa* spp. 38  
A- comprimento da haste floral; A1- comprimento do eixo floral; B- intensidade do perfilhamento basal; C- altura da planta; D- comprimento da lâmina foliar; E- comprimento do racemo basal; G- produtividade de matéria fresca.
- Figura 3.** Descritores morfoagronômicos qualitativos avaliados em acessos de *Urochloa* spp. 39  
A- hábito de crescimento ereto; B- hábito de crescimento intermediário; C- pilosidade da lâmina ausente; D- pilosidade da lâmina em ambas as faces; E- inserção da espiguetas na ráquis do tipo bisseriada; F- inserção da espiguetas na ráquis do tipo combinada; G- forma do rizoma intermediária; H- estolões.
- Figura 4.** Dendrograma representativo da diversidade genética entre 15 acessos de *Urochloa* spp. obtido pelo agrupamento da ligação média entre grupos (UPGMA), com CCC= 91%. 49

### CAPÍTULO 2

- Figura 1a.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos diploides de *Urochloa*, com  $2n=14$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UmCO-11 (2): 1a (DAPI) e 1b (CMA); Acesso UmCO-6 (1): 1c (DAPI) e 1d (CMA); Acesso UmCO-1 (1): 1e (DAPI) e 1f (CMA); Acesso UbCO-17 (1): 1g (DAPI) e 1h (CMA). 72
- Figura 1b.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos diploides de *Urochloa*, com  $2n=14$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UoCO-18 (1): 1a (DAPI) e 1b (CMA); Acesso UaCO-15 (1): 1c (DAPI) e 1d (CMA); Acesso UmCO-4 (1): 1e (DAPI) e 1f (CMA); Acesso UmCO-7 (1): 1g (DAPI) e 1h(CMA). 73
- Figura 2a.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos tetraploides de *Urochloa*, com  $2n=28$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UmCO-2 (2): 2a (DAPI) e 2b (CMA); Acesso UmCO-10 (2): 2c (DAPI) e 2d (CMA); Acesso UmCO-5 (2): 2e (DAPI) e 2f (CMA). 74
- Figura 2b.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos tetraploides de *Urochloa*, com  $2n=28$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UmCO-13 (2): 2a (DAPI) e 2b (CMA); Acesso UspCO-23 (1): 2c (DAPI) e 2d (CMA). 75
- Figura 3.** Dendrograma representativo da divergência genética entre os 15 acessos de *Urochloa* spp., obtido pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), utilizando o complemento aritmético do índice de Jaccard como medida de dissimilaridade, com base em marcadores SSR (Simple Sequence Repeats). Valor do coeficiente cofenético = 0,74. 78

## Sumário

INTRODUÇÃO GERAL .....	13
REVISÃO DE LITERATURA .....	15
Aspectos Gerais de <i>Urochloa</i> spp.....	15
<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack). Daudy).....	16
Descritores morfoagronômicos.....	18
Caracterização citogenética .....	18
Marcadores moleculares: microssatélites SSR .....	20
REFERÊNCIAS .....	21
CAPÍTULO 1 - <i>Urochloa mosambicensis</i> no semiárido brasileiro: caracterização morfoagronômica de acessos sob condições climáticas restritas .....	30
RESUMO.....	31
ABSTRACT.....	32
Introdução .....	33
Materiais e Métodos.....	35
Resultados e Discussão .....	40
Conclusões .....	50
Referências.....	51
CAPÍTULO 2 – Citogenética e marcadores moleculares SSR revelam diversidade e citotipos e tetraploides em <i>Urochloa mosambicensis</i> .....	58
RESUMO.....	59
ABSTRACT.....	60
Introdução .....	61
Materiais e Métodos.....	62
Resultado e Discussão .....	68
Conclusão.....	79
Referências.....	80

## INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil apresenta uma grande diversidade de gênero da família Poaceae, destacando-se os gêneros *Panicum* e *Urochloa* por englobarem as cultivares de plantas forrageiras mais comercializadas no país (LOPES et al., 2009). Este último gênero mostra características interessantes para o aprimoramento genético, como alta produção de biomassa, resistência ao déficit hídrico, e resistência ao pisoteio (MORETA et al., 2014; GICHANGI et al., 2017; LEITE et al., 2017).

*Urochloa* é um gênero de origem africana, introduzido no Brasil por volta da década de 60, sendo amplamente difundido pelo país devido a sua alta produtividade e por sua adaptação a solos ácidos e pobres (PENTEADO et al., 2000; MENDES-BONATO et al., 2002), possui cerca de 100 espécies, distribuída em regiões tropicais e subtropicais (KUWI et al., 2018; SOUZA et al., 2018). E está entre as gramíneas mais usadas em pastagens, devido a sua grande importância ecológica e econômica, apresentando potencial como fonte de nutrientes para pecuária de bovinos, caprinos e ovinos (WELKER; LONGHI-WAGNER, 2007; VALLE et al., 2009; SILVA; FERRARI, 2012; KAWAKITA et al., 2016).

Em se tratando das gramíneas forrageiras, essas, ainda são pouco exploradas quando comparadas a outras culturas, e respondem por praticamente toda produção animal (carne e leite) no Brasil (JANK et al., 2021). E o uso extensivo dessas forrageiras, faz com que extensas áreas de produção se tornem cobertas por uma única cultivar, além do mais, às mudanças no uso da terra, juntamente com as mudanças climáticas, podem levar a uma erosão genética da diversidade das gramíneas forrageiras, ou a um declínio na capacidade de reprodução de pastagens (OLIVEIRA, 2017; TRYTSMAN et al., 2020; TYAGI et al., 2023).

Dessa forma, a conservação desses materiais é fundamental por diversas razões, especialmente no contexto da segurança alimentar, sustentabilidade agrícola e adaptação às mudanças climáticas, bem como o desenvolvimento de novas cultivares melhoradas, diversificando as pastagens brasileiras (OLIVEIRA, 2017; NAMAZZI et al., 2020; FERREIRA et al., 2021).

Portanto, o sucesso do melhoramento de plantas depende de uma série de informações, entre as quais se destaca o conhecimento das características morfoagronômicas que podem ser observadas ou medidas, permitindo a identificação das características desejadas, auxiliando o melhorista na identificação de genótipos superiores e facilitando assim o desenvolvimento de variedades promissoras para os produtores (PEDRI et al., 2021).

Por sua vez, a citogenética pode ser usada para caracterizar acessos ou indivíduos de uma espécie, através das variações numéricas e estruturais dos cromossomos, ajudando assim a identificar possíveis alterações cromossômicas. Podendo avaliar o grau de parentesco por meio de semelhanças entre indivíduos, analisar híbridos e variação dentro de uma espécie ou táxons (GUERRA, 1988). É uma ferramenta importante para pesquisas taxonômicas e evolutivas.

Nesse contexto, além da caracterização citogenética, os marcadores moleculares permitem analisar o genótipo de um indivíduo sem a influência do ambiente, são rápidos e eficazes em estudos de diversidade genética, uma vez que detectam nível de polimorfismo ao nível de DNA (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Esta pesquisa tem como objetivo caracterizar acessos de *Urochloa* através de descritores morfoagronômicos, moleculares e citogenéticos.

## REVISÃO DE LITERATURA

### Aspectos Gerais de *Urochloa* spp

O Brasil é uns dos protagonistas globais no que diz respeito à produção de carne, tendo como base às pastagens, que desempenham um importante papel na economia do país (MALAFAIA et al., 2021). Atualmente a pecuária brasileira ocupa extensas áreas de pastagens, com mais de 150 milhões de hectares, com aproximadamente 224 milhões cabeças de gado, movimentando cerca de R\$ 913 bilhões, estando entre os países que mais produz e exporta carne bovina do mundo (ABIEC, 2023).

A maior parte das pastagens que compõe essas áreas são espécies dos gêneros *Panicum* e *Urochloa* (PAULA et al., 2017), e dentre esses, *Urochloa* responde por mais de 80% das áreas cultivadas (JANK et al., 2021). Outra vertente que vem ganhando espaço neste setor é o mercado de sementes forrageiras que movimenta mais de R\$ 1,4 bilhão por ano, posicionando o país como líder mundial em produção, consumo e exportação de sementes (Anuário Brasileiro de Sementes, 2019).

O gênero *Urochloa* P. Beauv. pertence à família Poaceae uma das maiores famílias das Angiospermas, composta por cerca de 11.500 espécies de aproximadamente 750 gêneros, amplamente distribuída em regiões tropicais e subtropicais (SORENG et al., 2017, 2022; HODKINSON et al., 2018). No Brasil, esta família está representada por 232 gêneros e cerca de 1.558 espécies, sendo a Mata Atlântica um dos mais ricos biomas em número de espécies (892), seguida do Cerrado (745), da Amazônia (498), e da Caatinga (342) (REFLORA, 2024).

Este gênero é muito recente em relação a outros capins, como capim-gordura (*Melinis minutiflora*), capim-jaraguá (*Hyparrhenia rufa*), capim-guiné (*Megathyrsus maximum*), capim-elefante (*Pennisetum purpureum*), que entraram acidentalmente com a chegada dos primeiros navios negreiros, todos trazidos da África (PARSONS, 1972; ASSIS, 2009; VALLE et al., 2009).

A primeira espécie a ser introduzida no Brasil foi *Urochloa decumbens* (Stapf) R.D. Webster, cultivar Ipean, por volta de 1952, não ganhando destaque em razão da sua baixa produção de sementes (ALCANTARA, 1987; CORREA; SANTOS, 2003). Na década de 60, foi obtido uma nova cultivar desta espécie, a “Basilisk”, que devido à sua rusticidade, se adaptou facilmente aos solos ácidos e de baixa fertilidade dos Cerrados (VALLE et al., 2022).

Com o sucesso desta cultivar, houve uma grande demanda por forrageiras adaptadas às regiões dos Cerrados, desta forma, ocorreu intensas importação de sementes, que logo depois

se espalhou pelo país, desencadeando um grande monocultivo, automaticamente desalojando inimigos naturais como as cigarrinhas nas pastagens (LIMA et al., 2020; VALLE et al., 2022).

Nesse mesmo período, foram introduzidas *Urochloa brizantha* com resistência à cigarrinha-das-pastagens, *Urochloa ruziziensis* com alto valor nutritivo, e *U. humidicola* com boa adaptação a solos ácidos, de baixa fertilidade e mal drenados (RIBEIRO et al., 2016; COSTA et al., 2020).

Após a expansão das áreas cultivadas de *Urochloa* e a ocorrência dos prejuízos causados nas pastagens, surgiu a necessidade de encontrar capins na mesma linha, capaz de vegetar em solos fracos e ácidos, mas com resistência a cigarrinhas e a mesma rusticidade da *Urochloa decumbens*, e por conta disso, novas coletas foram realizadas no leste e sul da África, o seu centro de origem (MACHADO et al., 2010).

Com intuito de ampliar as coleções de germoplasma, que foram obtidas por meio de trocas ou coletas vindas da África, que deram início aos trabalhos de melhoramento deste gênero, em 1980 pela Embrapa Gado de Corte, na seleção de genótipos, que reunisse características favoráveis ao desenvolvimento de novos cultivares, diversificando as pastagens (GOUVEIA et al., 2020; VALLE et al., 2022).

Então, depois de anos de pesquisas, cultivares foram lançadas no mercado como a Marandu em 1984, a Xaraés em 2003, a BRS Piatã em 2006, a BRS Paiaguás em 2013, e BRS Ybate em 2020, todas pertencentes a *U. brizantha* (VALLE et al., 2004; VALLE et al., 2007; VALLE et al., 2008; ASSIS, 2009; VALLE et al., 2013; FERREIRA et al. 2021). Outro exemplo, *U. humidicola* a BRS Tupi com resistência a áreas alagadas em 2009 (BARBOSA, 2012; COSTA et al., 2020). Em 2017, foi lançada *U.* híbrida BRS Ipyporã, resultado de um cruzamento entre *U. ruziziensis* e *U. brizantha* e recente a *U. ruziziensis* “BRS Integra” em 2020 (VALLE et al., 2017; FERREIRA et al. 2021).

### ***Urochloa mosambicensis* (Hack.) Dandy**

A espécie de *Urochloa mosambicensis* (Hack.) Dandy, conhecida popularmente como capim-corrente ou capim urocloa, é uma gramínea forrageira promissora. São plantas de ciclos perenes, apomíticas, de tamanho e hábitos variáveis; podem ser estolonífera ou rizomatosa; o colmo pode atingir até 1,20 m de altura e, em alguns casos, apresentar ramificações e enraizamento dos nós inferiores, com folhas lineares ou com formato lanceolado, com 2 a 30 cm de comprimento, levemente pilosas ou glabras; suas inflorescências de 3 a 15 racemos, os

quais têm de 2 a 8 cm de comprimento, sendo as espiguetas (3-5 mm) normalmente dispostas simetricamente em duas fileiras (BURT et al., 1980; BRINK, 2006; BUENO et al., 2022).

A introdução desta espécie no Brasil ocorreu em 1975, no município de Serra Talhada - PE, por intermédio da Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária (IPA) (OLIVEIRA, 2005). Os primeiros estudos realizados com a espécie aconteceram a partir da década de 60 na região semiárida brasileira, por iniciativas coordenadas pela SUDENE (VIANA, 1972; OLIVEIRA, 2005; BUENO et al., 2022).

Desde então, o capim urocloa vem sendo utilizado em áreas de pastagens no Semiárido brasileiro, na produção de feno, em cultivo consorciado com Eucalipto. É muito bem aceita por bovinos, caprinos e ovinos, sendo reportados ganhos de peso e a manutenção do peso corporal durante o período de estiagem (OLIVEIRA et al., 1988; OLIVEIRA, 1999; CAMURÇA et al., 2002; VOLTOLINI et al., 2010; DRUMOND et al., 2013).

Alguns estudos vêm sendo realizados com *Urochloa mosambicensis* (Hack). Dandy), tais como caracterizações agronômicas sob diferentes níveis de adubação de fósforo e nitrogênio (BEZERRA et al., 2017; BEZERRA et al., 2019; GONÇALVES et al., 2022), potássica (VILELA et al., 2017), esterco suíno (CRUZ, et al., 2016; SÁ JÚNIOR. et al., 2018), caracterização estruturais e produtivas sob diferentes alturas, e idades de corte (ALVES et al., 2015; BUENO et al., 2015; CARVALHO et al., 2018; CRUZ; LEITE, 2020), e morfogênicas (ALVES et al., 2015a; BUENO et al., 2019).

Embora ainda não exista cultivar registrada, esta espécie apresenta um grande potencial como recurso forrageiro, possui tolerância ao déficit hídrico e a solos arenosos com baixa fertilidade, o que a torna uma espécie promissora para as condições de Semiárido brasileiro, diversificando as pastagens (OLIVEIRA, 2005).

Estudos voltados para o melhoramento desta espécie vêm sendo coordenados pela Embrapa, e são relativamente recentes, mas apontam a existência de variabilidade genética na coleção de germoplasma de *Urochloa mosambicensis* suficiente para seleção de materiais superiores em termos de persistência e desenvolvimento vegetal, representando um importante passo para o aumento da produtividade dos sistemas de produção pecuário da região (BUENO et al., 2022).

## **Descritores morfoagronômicos**

A caracterização morfoagronômica é uma ferramenta que permite descrever, diferenciar e identificar a existência de diversidade genética presente em uma amostra de acessos. Para isso, uma série de descritores são usados no processo de identificação de características que sejam úteis no melhoramento de plantas.

Esses descritores consistem em anotações, que podem ser observados ou mensurados no mesmo genótipo, em diferentes estádios de desenvolvimento da planta, cuja expressão pode ou não ser influenciada pelo ambiente (AMÉRICO, 2019). Os descritores qualitativos, são registrados por meio de escalas de notas abrangendo características como cor da folha, hábito de crescimento, forma da lâmina e arquitetura da folha. Por outro lado, os descritores quantitativos envolvem medições, como altura da planta, comprimento e largura da lâmina foliar, e produtividade (BARBIERI; CASTRO, 2015).

As informações obtidas por meio de descritores, permitem verificar a diferenciação entre acessos distintos, uma etapa fundamental, pois otimizam o uso do germoplasma dos recursos genéticos disponível, a fim de potencializar o desenvolvimento de novas cultivares nos programas de melhoramento (BARBIERI, 2013).

## **Caracterização citogenética**

A citogenética é a ciência que estuda a estrutura e o comportamento dos cromossomos durante a divisão celular (mitose) e a divisão das células germinativas durante a reprodução (meiose) (SYBENGA, 1993; KANNAN; ZILFALIL, 2009).

Sendo assim, o uso de técnicas citogenéticas vem auxiliando nos estudos de espécies vegetais de importância econômica contribuindo de forma significativa no melhoramento genético (CARVALHO; GUERRA, 2002; CARVALHO et al., 2009; HWANG et al., 2020), constituindo-se em uma ferramenta importante na taxonomia vegetal para compreender as relações genéticas e os mecanismos de evolução das espécies, para identificar alterações cromossômicas, nível de ploidia e auxiliando na identificação de materiais que possam ser utilizados em futuros cruzamentos (GUERRA, 1988; STACE, 2000; GUERRA, 2008; BARCELAR et al., 2023).

A análise cromossômica também é uma importante ferramenta para a observação da variabilidade genética, já que o número cromossômico pode variar dentro de um mesmo táxon

ou entre táxons (GUERRA, 1988; GRIFFITHS et al., 2002). Além disso, existem outras características que podem ser agregadas ao número cromossômico, tais como tamanho e morfologia cromossômicos, simetria cariotípica, padrão de bandas, e número e posição de satélites cromossômicos (GUERRA, 2008).

Dentre as técnicas utilizadas em análise cromossômica, na citogenética convencional os cromossomos são corados com Giemsa 2% e essa técnica possibilita a contagem do número cromossômico, porém não permite uma maior análise dos cromossomos (GUERRA; SOUZA, 2002). Já a técnica com fluorocromos é possível identificar regiões heterocromáticas (ex: Bandamento C), eucromáticas (ex: Bandamento G), e os bandeamentos fluorescentes evidenciam regiões heterocromáticas ricas em AT (Adenina/Timina), quando coradas com DAPI (4''-6''-diamidino-2-10-fenilindol), produzindo uma banda fluorescente azul, enquanto as regiões ricas em CG (Citosina/Guanina) coradas com CMA<sub>3</sub> (cromomicina A3), emite uma fluorescência amarelo brilhante (BAGULEY, 1982; BACELAR et al., 2023).

Ademais, diversos trabalhos com citogenética foram desenvolvidos com espécies do gênero *Urochloa*, destacando-se aqueles relacionados com: o comportamento cromossômico em todas as fases da meiose e a contagem dos números de cromossomos (PENTEADO et al., 2000; BENINI; MARIN-MORALES, 2001; MENDES-BONATO et al., 2002; 2006; GOULART, 2008; RISSO-PASCOTTO et al., 2009; SANTOS, 2011; TIMBÓ et al., 2014), e análises citogenéticas de híbridos interespecíficos sexuais (SALES; MENDES-BONATO, 2017; DA ROCHA et al., 2019; DE CAMPOS MORAES et al., 2019). Há ainda alguns poucos estudos de citogenética molecular como, por exemplo, os de Nielen et al. (2010), Akiyama-Yamada; Ebina (2010), e Nani (2015), relacionados com a localização de sequências repetitivas (DNAr 5S, DNAr 45S, bandas CMA/DAPI) em *U. brizantha*, *U. decumbens* e *U. ruziziensis*.

Com relação aos estudos envolvendo a caracterização citogenética de *Urochloa mosambicensis*, existem grandes variações numéricas, tendo como número cromossômico básico  $x=7$ , com ocorrências de indivíduos diploides ( $2n=14$ ) (SPIES et al., 1991), tetraploides ( $2n=4x=28$ ) (NATH et al., 1970; MURTHY; BASAVAIHAH, 1990), e hexaploides ( $2n=6x=42$ ) (MOFFETT; HURCOMBE, 1949). Há relato na literatura de ocorrência de indivíduos triploides ( $2n=3x=30$ ) (de WET; ANDERSON, 1956).

## Marcadores moleculares: microssatélites SSR

O emprego de marcadores moleculares de DNA possibilita acessar diretamente o genótipo de um indivíduo, produzindo informações ao nível de DNA, revelando o polimorfismo de um gene ou de um segmento específico do DNA, evitando o efeito da influência ambiental na expressão do fenótipo (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; TOPPA; JADOSKI, 2013; ROYCHOWDHURY et al., 2013).

Trabalhos com marcadores moleculares vêm sendo empregados em estudos de variabilidade genética e relações genéticas entre espécies do gênero *Urochloa*, usando diferentes marcadores moleculares, como RAPD (JAMNADASS et al., 2006; CHIARI et al., 2008; BITENCOURT et al., 2012; KUWI et al., 2018), ISSR (BRAGA, 2013; NITTHAISONG et al., 2016), AFLP (JAMNADASS et al., 2006), SNP (MARTINS, 2013) e microssatélites SSR (CANÇADO, 2009; VIGNA et al., 2011; SILVA et al., 2013; SOUZA et al., 2018; TRIVIÑO et al., 2017; NAMAZZI, et al. 2020).

Os microssatélites ou Sequências Simples Repetidas (SSR) consistem em pequenas sequências repetidas em tandem, compreendendo de um a seis nucleotídeos que se repetem lado a lado no genoma de eucariotos (CAIXETA et al., 2016). Esse tipo de marcador utiliza iniciadores específicos que amplificam regiões com DNA repetitivo (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Essa técnica baseia-se no uso de pares de primers na reação em cadeia da polimerase de PCR para detectar variações em *loci* de sequências repetitivas (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). A técnica de SSR revela polimorfismo em um loco devido a diferenças no número de vezes (n) em que, por exemplo, um dinucleotídeo (AG)<sub>n</sub> se repete naquele loco (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Os marcadores SSR caracterizam-se por serem codominantes, baseados em PCR; abundantes, distribuídos por todo o genoma; altamente polimórficos, multialélicos e dependentes de pequena quantidade de DNA dos indivíduos analisados (BUSO et al., 2003; SALES et al., 2003; OLIVEIRA et al., 2021). Apresentam diversas vantagens em relação aos RFLPs, entre essas: são baseados em PCR, menos laboriosos, de menor custo, não demandam o uso de radioatividade, além de serem geralmente mais polimórficos (NI et al., 2002). Os ensaios com SSRs são mais robustos do que com RAPD e mais versáteis do que com AFLP (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). A natureza codominante dos microssatélites é uma vantagem sobre os marcadores RAPD e AFLP (dominantes) e podem ser utilizados de forma eficiente em estudos de mapeamento de plantas (BUSO et al., 2003; NADEEM et al., 2017).

O polimorfismo dos marcadores microssatélites é revelado pela PCR – reação em cadeia da polimerase, sendo detectados por amplificação do DNA genômico total usando primers únicos, compostos de sequências curtas de nucleotídeos, e, portanto, definem o loco de microssatélites (PINTO et al., 2001). As reações de amplificação podem ser iniciadas com pequenas quantidades de DNA e os produtos da amplificação são visualizados em géis de agarose ou poliacrilamida (PINTO et al., 2001). A formulação do gel exerce influência sobre o número de alelos detectados. Géis de poliacrilamida desnaturante permitem separação de fragmentos que diferem em apenas um par de bases, enquanto géis de agarose apresentam resolução acima de quatro pares de bases (PINTO et al., 2001). Os géis de poliacrilamida levam à detecção de um número maior de alelos por loco, essencial para análise de polimorfismos de microssatélites de repetições dinucleotídicas, uma vez que as amplificações são em torno de 130 a 200pb (PINTO et al., 2001). Por outro lado, a agarose não é capaz de resolver diferenças da ordem de dois pb, ou seja, de um dinucleotídeo (PINTO et al., 2001; SALES et al., 2003).

## REFERÊNCIAS

ABIEC. Estatísticas: mercado mundial. Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes. Disponível em: <<https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2023/>> Acesso em: 10 mar. 2024.

AKIYAMA, Y.; YAMADA-AKIYAMA, H.; EBINA, M. Morphological diversity of chromosomes bearing ribosomal DNA loci in *Brachiaria* species. **Grassland Science**, v. 56, n. 4, p. 217-223, 2010.

ALCANTARA, P.B. Origem das braquiárias e suas características morfológicas de interesse forrageiro. In: ENCONTRO SOBRE CAPINS DO GÊNERO BRACHIARIA, 1986, Nova Odessa, SP. Anais... Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1987. p.1-18.

ALVES, M. M. de A. et al. Avaliação de características estruturais de acessos de *Urochloa mosambicensis*. In: XXV CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 2015. Fortaleza. **Anais...** Fortaleza. Associação Brasileira de Zootecnistas. 2015a.

ALVES, M. M. de A. et al. Avaliação morfogênica de acessos *Urochloa mosambicensis* para o semiárido. In: XXV CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 2015. Fortaleza. **Anais...** Fortaleza. Associação Brasileira de Zootecnistas. 2015.

AMÉRICO, F. K. de A. **Variabilidade genética em acessos de *Stylosanthes scabra* Vogel e *Stylosanthes viscosa* (L) Sw. com base em descritores morfológicos e bromatológicos.** 2019. 88f. Tese (Doutorado em Recursos Genéticos Vegetais) - UEFS, Feira de Santana, Bahia.

**ANUÁRIO BRASILEIRO DE SEMENTES 2019** / Benno Bernardo Kist... [et al.]. – Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 2019. 72 p.: il.

ASSIS, G. M. L. de. **Melhoramento genético de forrageiras tropicais: importância e complexidade**. In: GONÇALVES, R. C.; OLIVEIRA, L. C. de (Ed.). Embrapa Acre: ciência e tecnologia para o desenvolvimento sustentável do Sudoeste da Amazônia. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 2009.

BAGULAY, B.C. Nonintercalative DNA-Binding antitumor compounds. **Molecular and Cellular Biochemistry**. v. 43, n.3, p. 167-181. 1982.

BARBOSA, R. A. BRS Tupi: *Brachiaria humidicola*. Brasília: Unipasto, 2012. Acesso em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/77436/1/Folder-Tupi-Junho2012-CV.pdf>.

BACELAR, P. A. A. et al., Variations in heterochromatin content reveal important polymorphisms for studies of genetic improvement in garlic (*Allium sativum*L.). **Brazilian Journal of Biology**. v. 83, n.e243514, 2023. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.243514>

BARBIERI, R. L. Caracterização de germoplasma - critérios para estabelecimento de descritores. **Magistra**. v. 25, p. 17-21, 2013.

BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M. Descritores para Caracterização de Germoplasma. In: VEIGA, R.F.A.; QUEIRÓZ, M.A. (Ed.). **Recursos Fitogenéticos: A base da agricultura sustentável no Brasil**. 1.a Ed. Brasília: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2015, 732p.

BRAGA, I. **Discriminação varietal de cultivares de *Urochloa brizantha* por marcador molecular ISSR**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - 2013. 44f. UNOESTE, Presidente Prudente, São Paulo.

BEZERRA, F. J. S. de M. et al. Características agronômicas de em *Urochloa mosambicensis* função do nitrogênio e fósforo. **Agrarian Academy**, v.4, n.7; p.92-102, 2017.

BEZERRA, R. C. A. et al. Características agronômicas de *Urochloa mosambicensis* sob diferentes níveis de fósforo e nitrogênio. **Magistra**, v. 30, p.268 - 276, 2019.

BITENCOURT, G. de A.; CHIARI, L.; VALLE, C.B. do Avaliação de híbridos por meio de marcadores moleculares RAPD e identificação do modo de reprodução pela anatomia de sacos embrionários em *Brachiaria humidicola*. **Ensaio de Ciências: Ciência Biológica, Agrárias e da Saúde**, v. 16, n. 2, p. 59-70, 2012.

BRINK, M. *Urochloa mosambicensis* (Hack) Dandy. In: BRINK, M.; BELAY, G. (eds.). **Plant resources of tropical Africa 1. Cereals and pulses**. Wageningen: PROTA Foundation/Backhuys Publishers/ CTA, 2006. p.191-192.

BUENO, L. G. et al. Caracterização estrutural e bromatológica de acessos de *Urochloa mosambicensis*. In: 8 Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2015, Goiânia. **Anais...** Goiânia: LGBIO-UFG, 2015.

BUENO, L. G. et al. **Caracterização morfogênica de *Urochloa mosambicensis* para seleção de genótipos elite em programa de melhoramento de forrageiras**. Sobral:

Embrapa Caprinos e Ovinos, 2019. (Embrapa Caprinos e Ovinos. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 11).

BUENO, L. G. et al., Capim-urocloa, alternativa para região semiárida. In: Santos MVF dos, Neiva JNM (eds) **Culturas Forrageiras no Brasil: uso e perspectivas**, Suprema Gráfica, Visconde do Rio Branco, 2022. cap. 7, p. 170-196.

BUSO et al. Marcadores microssatélites em espécies vegetais – Desenvolvimento e caracterização de marcadores microssatélites em espécies vegetais tropicais. **Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento**, v. 30, p. 46-50, 2003.

BURT, R. et al. Variation Within and Between Some Perennial Urochloa Species. **Australian Journal of Botany**, v.28, n.3, p.343-356, 1980.

CANÇADO, L. J. **Caracterização da diversidade genética molecular em germoplasma de *Brachiaria* spp.** 2009. 99f. Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular) – UNICAMP, Campinas, São Paulo.

CAMURÇA, D. A. et al., Desempenho produtivo de ovinos alimentados com dietas à base de feno de gramíneas tropicais. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 31, p. 2113-2122, 2002.

CARVALHO, J. D. et al. Características estruturais do capim-corrente (*Urochloa mosambicensis*) submetido a diferentes manejos de corte. In: II Simpósio de Produção Animal da UFRPE-UAST. 2018, Serra Talhada. **Anais...** Serra Talhada: UFRPE, 2018.

CARVALHO, R.; GUERRA, M. Cytogenetics of *Manihot esculenta* Crantz (cassava) and eight related species. **Hereditas** v. 136, p. 159-168. 2002.

CARVALHO, R., SILVA, K.V.P., OLIVEIRA, I.F., ALVES, A.A.C. Citogenética como ferramenta para o melhoramento genético vegetal: análise mitótica e meiótica em espécies de *Manihot*. In: XIII Congresso Brasileiro de Mandioca, 2009, Botucatu, SP. **Resumos...** Botucatu: Centro de Raízes e Amidos Tropicais (CERAT/UNESP), 2009. p. 645-650.

CHIARI L. et al. Variabilidade genética em acessos e cultivares de quatro espécies de *Brachiaria* estimada por marcadores RAPD. Embrapa Gado de Corte, **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, n. 22. 2008, 20 p.

CORREA, L.de A.; SANTOS, P.M., **Manejo e utilização de plantas forrageiras dos gêneros *Panicum*, *Brachiaria* e *Cynodon***. Embrapa Pecuária Sudeste. Documentos 34, 36p. 2003.

COSTA, M.L.L.da et al., Characterization of *Brachiaria humidicola* cv. BRS Tupi. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 41, n. 1, p. 313-322, 2020.

CRUZ, M. G. da et al. Características agronômicas de *Urochloa mosambicensis* adubado com esterco suíno sob duas alturas de corte. In: I CONIDIS. **Anais...**Campina Grande: Realize, 2016.

CRUZ, M. G. da; LEITE, M. L. de M. V. Produtividade do capim-corrente submetido a diferentes alturas e frequências de corte. In: V CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA E ENSINO DE CIÊNCIAS. 2020, **Anais...**Campina Grande: Realize, 2020.

DA ROCHA, M. J. et al., Comparative meiosis and cytogenomic analysis in euploid and aneuploid hybrids of *Urochloa* P. Beauv. **Chromosome Research**. v.27, p.333–344, 2019. [https://doi: 10.1007/s10577-019-09616-y](https://doi.org/10.1007/s10577-019-09616-y)

DE CAMPOS MORAES, I. et al., Characterization of aneuploidy in interspecific hybrid between *Urochloa ruziziensis* (R. Germ. & Evrard) Crins and *Urochloa decumbens* (Stapf) R. D. Webster. **Molecular Biology Reports** v.46, p.1931–1940, 2019. [https://doi: 10.1007/s11033-019-04643-8](https://doi.org/10.1007/s11033-019-04643-8)

DE WET, J. M. J.; ANDERSON, L.J. Chromosome numbers in Transvaal grasses. **Cytologia**, v. 21, n. 1, p. 1-10, 1956.

DRUMOND, M.; MORAES, A.S.; RIBASKI, J. Sistemas agroflorestais para o semiárido brasileiro. In: Florestas E (ed.) Congresso Brasileiro de Sistemas Agroflorestais - Políticas públicas, educação e formação em sistemas agroflorestais na construção de paisagens sustentáveis. 2013, **Anais...** Ilhéus, BA: Embrapa. 2013.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: EMBRAPA/CENARGEN, 1998, 220 p.

FERREIRA, R.C.U. et al. An Overview of the Genetics and Genomics of the *Urochloa* Species Most Commonly Used in Pastures. **Frontiers in Plant Science**. v.12, p.1-22, 2021.

GICHANGI, E.M. et al. Plant shoots and roots biomass of *Brachiaria* grasses and their effects on soil carbon in the semi-arid tropics of Kenya. **Tropical and Subtropical Agroecosystems**. v.20, p.65 – 74, 2017.

GONÇALVES, M. B. et al. Produção de forragem e eficiência no uso do nitrogênio em Capim-corrente. **Caderno Ciências Agrárias**, v. 14, p. 01–09, 2022.

GOULART, J. de C. **Caracterização e anatomia foliar de acessos e progênies de *Brachiaria***. 2008. 82f. f Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - UFLA, Lavras, Minas Gerais.

GOUVEIA, B.T. et al., Selection strategies for increasing the yield of high nutritional value leaf mass in *Urochloa* hybrids. **Euphytica**. v.216, n.38, p.1-12, 2020.

GRIFFITHS, A.J.F., MILLER, J.H., SUZUKI, D.T., LEWONTIN, R.C., GELBART, W.M. **Introdução a Genética**. 7 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2002. 794p.

GUERRA, M. Introdução a Citogenética Geral. In: \_\_\_\_\_ (ed.) **Heterocromatina e Bandamento Cromossômico**. Guanabara, Rio de Janeiro, pp. 24-35, 1988.

GUERRA, M. S.; SOUZA, M. J. **Como observar cromossomos: um guia de técnicas em citogenética vegetal, animal e humana**. 1.ed. Ribeirão Preto: FUNPEC, 2002. 132p.

GUERRA, M. Chromosome numbers in plant cytotaxonomy: concepts and implications. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 120, n. 3-4, p. 339-250. 2008.

HWANG, Y. J. et al. Molecular cytogenetics and its application to major flowering ornamental crops. **Horticulture, Environment, and Biotechnology**. v.61, p.1-9, 2020. <https://doi.org/10.1007/s13580-019-00198-6>

HODKINSON, T. R. Evolution and taxonomy of the grasses (POACEAE): a model family for the study of species-rich groups. **Annual Plant Reviews**, v. 1, p. 1-39, 2018.

JAMNADASS, R. et al. Population genetic responses of wild forage species to grazing along a rainfall gradient in the Sahel: A study combining phenotypic and molecular analyses. **Euphytica**, v. 151, n. 3, p. 431-445, 2006.

JANK, L. et al. Forage Genetic Resources in Brazil. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 24., INTERNATIONAL RANGELAND CONGRESS, 11., 2020, Kenya. **Sustainable use of grassland and rangeland resources for improved livelihoods**. Proceedings... Kenya: Kenya Agricultural and Livestock Research Organization, 2021.

KANNAN, T. P.; ZILFALIL, B. A. Cytogenetics: past, present and future. **Malaysian Journal of Medical Sciences**. v.16, n.2 p.4-9, 2009.

KAWAKITA, K.; RODRIGUES, R. S.; FILGUEIRAS, T. S. Poaceae em uma planície de inundação no Brasil: listagem florística e novas ocorrências. **Hoehnea**, v. 43, n. 2, p. 203-216, 2016.

KUWI, S. O. et al. Genetic diversity and population structure of *Urochloa* grass accessions from Tanzania using simple sequence repeat (SSR) markers. **Brazilian Journal of Botany**, v. 41, p.699-709, 2018.

LEITE, M. L. de M. V.; LUCENA, L. R. R.; SÁ JUNIOR, E. H.; CRUZ, M. G. Estimativa da área foliar em *Urochloa mosambicensis* por dimensões lineares. **Revista Agropecuária Técnica**, v. 38, n. 1, p. 9-16, 2017.

LIMA, A. de A. et al., Associações cromossômicas multivalentes, segregação cromossômica e anormalidades meióticas em híbridos sexuais de *Urochloa*. In: XXIX ENCONTRO ANUAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA e IX ENCONTRO ANUAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA JUNIOR. 2020, Maringá. **Anais...** Maringá: UEM, 2020. p.1-4.

LOPES, J. et al. Importância da qualidade da semente para o estabelecimento de pastagens. **PUBVET**. v.3, n. 13, p.1-16, 2009.

MACHADO, L. A. Z. et al. Principais espécies forrageiras utilizadas em pastagens para gado de corte. In: PIRES, A. V. (Ed.). **Bovinocultura de corte**. Piracicaba: FEALQ, 2010. p. 375-417.

MALAFAIA, G. C. et al. **Cadeia produtiva da carne bovina**: contexto e desafios futuros. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2021.45 p. (Embrapa Gado de Corte. Documentos, 291).

MARTINS, A. M. **Sequenciamento de DNA, montagem de novo do genoma e desenvolvimento de marcadores microssatélites, indels e SNPs para uso em análise genética de**

*Brachiaria ruziziensis*. 2013. 198f. Tese (Doutorado em Biologia Molecular) - UNB, Brasília.

MENDES-BONATO et al., Caracterização citogenética de acessos de *Brachiaria brizantha* (Gramineae). Embrapa Gado de Corte, **Boletim de Pesquisa**, n. 15, 2002, 31 p.

MOFFETT, A. A.; HURCOMBE. R. Chromosome numbers of South African grasses. **Heredity**. v.3, p.369 – 373, 1949.

MORETA, D. E. et al. Biological nitrification inhibition (BNI) in *Brachiaria* pastures: A novel strategy to improve eco-efficiency of crop-livestock systems and to mitigate climate change. **Tropical Grasslands – Forrajes Tropicales**, v. 2, n.1, p. 88–91, 2014.

MURTHY, T.C.S.; BASAVAIAH. Karyomorphological Studies on Five Species of *Urochloa* P. Beauv. (Poaceae). **Cytologia**. v. 55, n.3, p.431-435, 1990.

NADEEM et al. DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. **Biotechnology & Biotechnological Equipment**, p. 1-23, 2017.

NAMAZZI, C. et al. Genetic Diversity and Population Structure of *Brachiaria* (syn. *Urochloa*) Ecotypes from Uganda. **Agronomy**. v.10, n.1193, p.1-16, 2020.

NANI, T. F. **Citogenética de espécies de *Brachiaria***: contribuições para a construção de mapas físicos. 2015. 124f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - UFLA, Lavras, Minas Gerais.

NATH, J.; SWAMINATHAN, M. S.; MEHRA, K. L. Cytological Studies in the Tribe Paniceae, Gramineae. **Cytologia**. v. 35, n.1, p.111-131, 1970.

NI, J.; COLOWIT, P. M.; MACKILL, D. J. Evaluation of Genetic Diversity in Rice Subspecies Using Microsatellite Markers. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 601–607, 2002.

NIELEN, S. et al. Physical mapping of rDNA genes corroborates allopolyploid origin in apomictic *Brachiaria brizantha*. **Sexual Plant Reproduction**, v. 23, n. 1, p. 45-51, 2010.

NITTHAISONG, P. et al. Chromosome number, genomic variation, and molecular markers to assess genetic diversity of species. **Crop Science**, v. 56, n. 1, p. 312–321, 2016.

OLIVEIRA MC, et al., **Comportamento de gramíneas tropicais sob condições de pastejo intensivo por bovinos na região semi-árida do nordeste do Brasil**. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1988. 15 p. (EMBRAPA-CPATSA. Documentos, 56).

OLIVEIRA, M.C. **Capim-urocloa**: produção e manejo no semiárido do Nordeste do Brasil. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1999. (Circular técnica, 43).

OLIVEIRA, M. C. de. Capim-urocloa. In: KIILL, L. H. P.; MENEZES, E. A. (Ed.). **Espécies vegetais exóticas com potencialidades para o semiárido brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semiárido; Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2005.

OLIVEIRA, F. A. de. Estudos genético-genômicos em gramíneas Forrageiras tropicais dos gêneros *Urochloa* e *Paspalum*. 2017. Tese (Doutorado em Genética e Biologia molecular). UNICAMP. Campinas, São Paulo.

OLIVEIRA, A. J. et. al. Principais marcadores moleculares. **Research, Society and Development**. v. 10, n. 15, p. e562101523633, 2021. <https://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i15.23633>.

PAULA, L.C.de et al., Manejo e adaptação de pastagens do gênero *Urochloa* em solos do Cerrado. **Colloquium Agrariae**, vol. 13, p. 276-288, 2017.

PEDRI, E. C. M. de et al. Diversidade genética entre etnovarietades de mandioca cultivadas no norte do estado de Mato Grosso por meio de descritores morfoagronômicos. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 5, p. e25410514871, 2021. <https://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i5.14871>

PENTEADO, M. I. de O. et al. Determinação de ploidia e avaliação da quantidade de DNA total em diferentes espécies do gênero *Brachiaria*. Embrapa Gado de Corte, **Boletim de Pesquisa**, n. 11, 2000, 32 p.

PINTO, L. R.; VIEIRA, M. L. C.; SOUZA, A. P.; SOUZA JUNIOR, C. L. Isoenzimas e microssatélites em plantas. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**. Brasília, v. 4, n. 20, p. 16 – 19, 2001.

Poaceae in Flora do Brasil 2020. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB193>>. Acesso em: 26 jan. 2022.

RIBEIRO, T.B. et al., Características forrageiras de algumas gramíneas do gênero *Brachiaria* - revisão de literatura. **Nutritime Revista Eletrônica**. v. 13, n. 04, p.4773-4780, 2016.

RISSO-PASCOTTO, C.; PAGLIARINI, M.S.; VALLE, C.B. Chromosome number and microsporogenesis of two accessions of *Brachiaria dura* Stapf (Poaceae). **Biota Neotropica**, v.9, n. 2, p.257-262, 2009.

ROYCHOWDHURY, R. et al. Molecular Marker-Assisted Technologies for Crop Improvement. In: ROYCHOWDHURY, R., (Ed.). **Crop Improvement in the Era of Climate Change**. Nova Delhi, Índia: International Publishing House: 2013; p. 241–258.

SÁ JÚNIOR, E. H. et al. Características agronômicas de capim-corrente (*Urochloa mosambicensis*) adubado com esterco suíno e submetido a duas alturas de corte. **Ciência Agrícola**, v. 16, n. 1, p. 1-9, 2018.

SALES; G. L.. de M.; MENDES-BONATO, A. B. Comportamento meiótico anormal em híbridos intraespecíficos sexuais de *Brachiaria humidicola*. In: XXVI Encontro Anual de Iniciação Científica e VI Encontro Anual de Iniciação Científica Júnior, 2017, Maringá. **Anais...** Maringá: UEM, 2017.

SALES et al. Protocolo para o desenvolvimento de marcadores microssatélite. **Circular Técnica**, 20, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2003.

SANTOS, F. C. **Citogenética e anatomia foliar de *Brachiaria ruziziensis* e sua associação com o valor nutritivo da forragem**. 2011. 144f. f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - UFLA, Lavras, Minas Gerais.

SILVA, S. F. da; FERRARI, J. L. Descrição botânica, distribuição geográfica e potencialidades de uso da *Brachiaria brizantha* (Hochst. ex. A. Rich) Stapf. **Enciclopédia Biosfera**, v.8, n.14; p. 312-314, 2012.

SILVA, P. I. T. et al. Development and validation of microsatellite markers for *Brachiaria ruziziensis* obtained by partial genome assembly of Illumina single-end reads. **BMC Genomics**, v.14, n. 1, p. 17. 2013.

SOUZA, J. S. et al. Development, Validation and Characterization of Genic Microsatellite Markers in *Urochloa* Species. **American Journal of Plant Sciences**, v. 9, p. 281-295, 2018.

SORENG, R. J. et al. A worldwide phylogenetic classification of the Poaceae (Gramineae) II: An update and a comparison of two 2015 classifications. **Journal of Systematics and Evolution**, v. 55, n. 4, p. 259-290, 2017.

SORENG, R.J. et al. A worldwide phylogenetic classification of the Poaceae (Gramineae) III: An update. **Journal of Systematics and Evolution**. v.60, n. 3, p. 476–521, 2022.

SPIES, J.J. et al. Basic chromosome numbers and polyploid levels in some South African and Australian grasses (Poaceae). **Bothalia**. v. 21, n. 2, p. 163-170, 1991.

STACE, C.A. Cytology and cytogenetics as a fundamental taxonomic resource for the 20th and 21st centuries. **Taxon**, v.49, p. 53-79. 2000.

SUBBARAO, G. V. et al. Evidence for biological nitrification inhibition in *Brachiaria* pastures. **PNAS**, v. 106, n. 41, p. 17302–17307, 2009.

TIMBÓ, A. L. de O. et al. Nuclear DNA content and chromosome number in *Brachiaria* spp. genotypes. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 1, p. 62-67, 2014.

TOPPA, E. V. B.; JADOSKI, C. J. O uso dos marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas. **Scientia Agraria Paranaensis**. v.12, n. 1, p.1-5, 2013.

TRIVIÑO, N. J. et al. Genetic diversity and population structure of *Brachiaria* species and breeding populations. **Crop Science**, v. 57, n. 5, p. 2633-2644, 2017.

TRYTSMAN, M., MÜLLER, F. L.; VAN WYK, A. E. Diversity of grasses (Poaceae) in southern Africa, with emphasis on the conservation of pasture genetic resources. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.67, p. 875–894, 2020. <https://doi.org/10.1007/s10722-020-00886-8>

TYAGI, V.C. et al. Genetic and Genomic Resources of Range Grasses: Status and Future Prospects. In: Singhal, R.K., et al., (eds) **Molecular Interventions for Developing Climate-Smart Crops: A Forage Perspective**, p.3-34, 2023. [https://doi.org/10.1007/978-981-99-1858-4\\_1](https://doi.org/10.1007/978-981-99-1858-4_1)

VALLE, C. B. do et al. *Brachiaria brizanta* cv. Piatã: uma forrageira para a diversificação de pastagens tropicais. **Seed News**, v. 11, n. 2, p. 28-30, 2007.

VALLE, C. B. do; JANK, L.; RESENDE, R. M. S. O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Revista Ceres**, v.56, n. 4, p. 460-472, 2009.

VALLE, C. B. do et al. BRS Paiaguás: A new *Brachiaria (Urochloa)* cultivar for tropical pastures in Brazil. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 1, n. 1, p. 121-122, 2013.

VALLE, C. B. do et al. **BRS Ipyporã ("belo começo" em guarani)**: híbrido de *Brachiaria* da Embrapa. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2017. 17 p. (Embrapa Gado de Corte. Comunicado 137).

VALLE, C.B. do et al., Gênero *Brachiaria*. In: Fonseca, D. M. da; Martuscello, J. A. Plantas Forrageiras. 2 ed. Minas Gerais: UFV, 2022. p.29-107.

VIANA, O.J. Tem mais autores? Ensaio de Avaliação IV: comportamento do capim gunia (*Urochloa mosambicensis* (Hack) Dandy), nas condições litorâneas cearenses. **Ciência Agrônômica**. v.2, p.29-31, 1972.

VILELA, A. S. et al. Produção de fitomassa aérea e radicular de *Urochloa mosambicensis* sob efeito de adubação potássica. In: IV Reunião Nordestina de Ciência do Solo: uso sustentável do solo e segurança alimentar no nordeste brasileiro, 2017, Teresina. **Anais...** Teresina: NRNE/SBCS, Embrapa Meio-Norte, UFPI, UESPI, IFPI, 2017.

VIGNA, B. B. Z. et al., Genetic diversity and population structure of the *Brachiaria brizantha* germplasm. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 3-4, p. 157-169, 2011.

VOLTOLINI, T.V. et al., Alternativas alimentares e sistemas de produção animal para o semiárido brasileiro. In: SA, I.B.; SILVA, P.C.G. da (Eds.). **Semiárido brasileiro: pesquisa, desenvolvimento e inovação**, Embrapa Semiárido, Petrolina. p. 199-242, 2010.

WELKER, C. A. D.; LONGHI-WAGNER, H. M. A família Poaceae no Morro Santana, Rio Grande do Sul, Brasil. **Revista Brasileira de Biociências**, v. 5, n. 4, p. 53-92, 2007.

**CAPÍTULO 1 - *Urochloa mosambicensis* no semiárido brasileiro:  
caracterização morfoagronômica de acessos sob condições  
climáticas restritas**

Artigo publicado com o título “*Urochloa mosambicensis* in the Brazilian semi- arid region: morpho- agronomic characterization of accessions under restricted climatic conditions”na revista Genetic Resources and Crop Evolution.

## RESUMO

O objetivo deste trabalho foi caracterizar morfoagronomicamente acessos de *Urochloa* spp., provenientes da coleção de forrageiras da Embrapa Caprinos e Ovinos, visando identificar os acessos mais divergentes para subsidiar a seleção de materiais mais adaptados ao cultivo em condições semiáridas. Foram utilizados 15 acessos de capim urochloa em delineamento de blocos ao acaso com três repetições e oito plantas por parcela, no espaçamento de 0,5 m entre plantas e 0,5 m entre linhas. Foram realizados um corte de uniformização (60 dias após o transplante) e dois cortes posteriores com intervalos de 60 dias contados a partir do corte de uniformização. A caracterização morfológica foi iniciada 12 dias após o corte de uniformização. A caracterização dos acessos foi realizada com base em 24 descritores morfoagronômicos quantitativos e qualitativos de *Brachiaria*. As avaliações de produtividade de matéria fresca e seca foram realizadas nos dois cortes subsequentes ao corte de uniformização. Os descritores quantitativos foram submetidos à análise de variância, considerando os dois cortes e, em seguida, aplicado o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott a 5% de significância. Os dados obtidos foram analisados pelo método hierárquico UPGMA, a partir do qual foi gerado um dendrograma. Com base neste método, foram formados dez grupos, sendo os acessos UmCO-11 (2) e UmCO-2 (2), aqueles que apresentaram maior divergência genética. Em conclusão, observou-se alta variabilidade entre os acessos de *Urochloa* avaliados, o que pode ser indicativo do potencial de sua incorporação em programas de melhoramento.

**Keywords:** Gramíneas forrageiras. Capim corrente. Produtividade de matéria seca. Recursos genéticos vegetais.

## ABSTRACT

The objective of this study was to morphoagronomically characterize *Urochloa* sp. Accessions from the forage collection of Embrapa Caprinos e Ovinos, aiming to identify the most divergent accessions to support the selection of materials better adapted to cultivation under semi-arid conditions. Fifteen *Urochloa* sp. accessions were used in a randomized block design with three replications and eight plants per plot, with a spacing of 0.5 m between plants and 0.5 m between rows. A uniformization cut (60 days after transplantation) was performed, followed by two subsequent cuts at intervals of 60 days, starting from the uniformization cut. The morphological characterization was initiated 12 days after the uniformization cut. The characterization of the accessions was performed based on 24 quantitative and qualitative morpho-agronomic descriptors of *Brachiaria*. The evaluations of fresh and dry matter productivity were performed following the two subsequent cuts after the uniformization cut. The quantitative descriptors were subjected to analysis of variance, considering the two cuts. The obtained data were analyzed, and ten groups were formed, with the accessions UmCO-11 (2) and UmCO-2 (2) showing the highest genetic divergence. In conclusion, high variability was observed among the evaluated *Urochloa* accessions, which may indicate their potential for incorporation into breeding programs.

**Keywords:** Forage grasses. Dry matter productivity. Genetic divergence. Plant genetic resources.

## Introdução

Espécies do gênero *Urochloa* desempenham um importante papel na economia do país, ocupando extensas áreas de pastagens, respondendo por mais de 80% das áreas cultivadas (JANK et al., 2021). Estas gramíneas apresentam características desejáveis tais como alta produtividade, boa adaptação aos solos ácidos e de baixa fertilidade, e resistência à cigarrinha (VALLE et al., 2010; SIMEÃO et al., 2023).

A inserção do gênero *Urochloa* em regiões semiáridas, de forma adequada, pode possibilitar a diversificação na alimentação animal aumentando os padrões produtivos dos ruminantes na região, como bovinos, caprinos e ovinos (ABREU et al., 2017), uma vez que a maior produção de biomassa de forragem nativa da caatinga ocorre nos períodos chuvosos, apresentando uma redução da disponibilidade no período seco devido às irregularidades de chuvas na região, comprometendo o crescimento animal, a perda de peso e a condição corporal geral dos animais (PAULA et al., 2020).

Em virtude dessa condição, torna-se necessário ter formas alternativas de alimentos à disposição desses animais, ao longo do ano, o que justifica esforços nesse sentido de adaptar outras gramíneas forrageiras, buscando maximizar a produção de forragens, bem como de matéria seca, sendo esses materiais adaptados aos diferentes tipos de solos e com tolerância a seca, portanto, o desenvolvimento e utilização de cultivares de espécies do gênero *Urochloa* no semiárido, certamente, contribuiria para o aumento da produtividade animal (JESUS et al., 2020).

O capim urochloa é uma gramínea de origem africana, e representantes deste gênero foram introduzidos em Pernambuco em 1975 pela Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária (IPA) (OLIVEIRA, 2005). Todavia, não existe registro de como esta espécie foi introduzida no país, mas os primeiros estudos realizados com *U. mosambicensis* (Hack.) Dandy foram registrados na década de 60 na região Nordeste brasileira, por iniciativas da Superintendência do Desenvolvimento do Nordeste (SUDENE), onde outras forrageiras também foram avaliadas, tais como: o capim-pangola (*Digitaria* spp.), o capim-buffel (*Cenchrus ciliaris*) e, em menor escala, o capim-urocloa (*U. mosambicensis*) (VIANA, 1972; BUENO et al., 2022).

Desde a sua introdução, embora ainda não existam cultivares registradas de *U. mosambicensis* no Brasil, a espécie tem sido utilizada no semiárido para pastagem (OLIVEIRA et al., 1988; OLIVEIRA, 1999), na produção de feno (CAMURÇA et al., 2002) e em sistemas

integrados de produção (VOLTOLINI et al., 2010; DRUMOND et al., 2013). Alguns estudos vêm sendo realizados com *U. mosambicensis* tais como caracterizações agronômicas sob diferentes níveis de adubação de fósforo e nitrogênio (BEZERRA et al., 2017; BEZERRA et al., 2019; GONÇALVES et al., 2022), potássica (VILELA et al., 2017), esterco suíno (CRUZ, et al., 2016; SÁ JÚNIOR. et al., 2018), caracterização estruturais e produtivas sob diferentes alturas, e idades de corte (ALVES et al., 2015; BUENO et al., 2015; CARVALHO et al., 2018; CRUZ; LEITE, 2020), e morfogênicas (ALVES et al., 2015a; BUENO et al., 2019).

Para a inserção de novos materiais adaptados a uma dada região, quando destinados à alimentação animal, o conhecimento das características morfológicas e agronômicas das plantas forrageiras é um fator determinante que pode assegurar uma produção animal eficiente e sustentável em áreas de pastagem (SILVA et al., 2015), permitindo assim, descrever, diferenciar e identificar genótipos de uma mesma espécie, através de observações, mensurações de características que possam ser úteis, e adequadas a condições de pasto (MENEZES, 2011).

A apomixia, por exemplo, é uma forma de reprodução, mas pode ser utilizada para desenvolver genótipos melhorados, visto que a exploração da apomixia dentro dos programas de melhoramento da espécie possibilita a fixação imediata de um genótipo superior identificado em qualquer fase do programa de melhoramento (CHAVES et al., 2019). Por consequência da apomixia, os descendentes são idênticos a planta matriz (HOJSGAARD; HÖRANDL, 2019), o que com o tempo limita o material base para continuidade dos programas de melhoramento da cultura. Neste sentido, fica evidente a necessidade de identificar plantas sexuais de *Urochloa mosambicensis* buscando ampliar a base genética da cultura, bem como para recombinação de genótipos superiores para compor novos materiais com características de interesse comercial. Contudo, antes da recombinação, é de extrema importância que os potenciais genitores tenham suas características morfoagronômicas bem avaliadas.

Desse modo, pode haver variabilidade entre os acessos avaliados com grande potencial produtivo e caracteres que podem ser explorados para gerar novos materiais mais adaptados às condições semiáridas. Considerando o exposto, o objetivo deste estudo foi caracterizar acessos de *Urochloa* spp. pertencentes à coleção de forrageiras da Embrapa Caprinos e Ovinos utilizando descritores morfoagronômicos, visando identificar os acessos mais divergentes e com boas características como possível alternativa estratégica em futuras etapas do programa de melhoramento das espécies realizado na Embrapa Semiárido.

## Materiais e Métodos

### Local de realização do experimento

O presente estudo foi desenvolvido no Campo Experimental da Caatinga, pertencente a Embrapa Semiárido, Petrolina-PE, e localizado a 09° 04' de latitude Sul e 40° 19' de longitude Oeste com altitude de 365,5 m. O solo nesta área é classificado como argissolo amarelo distrófico vermelho arenoso (TAURA et al., 2012).

### Material vegetal e procedimento em campo

Foram utilizados 11 acessos de *Urochloa mosambicensis*: UmCO-1 (1), UmCO-2 (2), UmCO-4 (1), UmCO-5 (2), UmCO-6 (1), UmCO-7 (1), UmCO-8 (1), UmCO-9 (1), UmCO-10 (2), UmCO-11 (2), UmCO-13 (2), e quatro acessos de *Urochloa* pertencentes a quatro espécies ainda sem exploração comercial: UaCO-15 (1) (*U. advena* (Vickery) R.D.Webster), UbCO-16 (1) (*U. brachyura* (Hack. ex Schinz) Stapf), UoCO-18 (1) (*U. oligotricha* (Fig. & De Not.) Henrard.) e UspCO-23 (1) (*Urochloa* sp.), da coleção de forrageiras da Embrapa Caprinos e Ovinos, provenientes do banco de germoplasma da Embrapa Gado de Corte (Tabela 1).

Tabela 1. Origem dos acessos do gênero *Urochloa* spp. utilizados.

Acessos	Espécie	Origem
UmCO-11 (2)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-4 (1)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zambia
UmCO-2 (2)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-10 (2)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-7 (1)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-6 (1)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-9 (1)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-8 (1)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-5 (2)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-1 (1)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zambia
UmCO-13 (2)	<i>Urochloa mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UoCO-18 (1)	<i>U. oligotricha</i> (Fig. & De Not.) Henrard.	Zimbabwe
UspCO-23 (1)	<i>Urochloa</i> sp.	Unknown
UaCO-15 (1)	<i>U. advena</i> (Vickery) R.D.Webster	Lesotho
UbCO-16 (1)	<i>U. brachyura</i> (Hack. ex Schinz) Stapf	South Africa

As sementes foram postas para germinar em bandejas de poliestireno expandido contendo substrato comercial, onde permaneceram por cerca 15 dias até o estabelecimento das plântulas e só então foram transferidas para a área experimental. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições e parcelas contendo oito plantas, distribuídas em duas linhas de 2,0 m.

A área do experimento foi preparada por meio de aração e gradagem. Foram abertas covas com o auxílio de um escavador manual. O espaçamento utilizado foi de 0,50 m entre plantas e 0,50 m entre linhas (0,50m x 0,50m) com irrigação por gotejamento com vazão de 2L h<sup>-1</sup>, sendo aplicados três dias por semana com tempo aproximado de 2h/dia. Sempre que necessário foi realizado capinas manuais para controle de mato.

A análise química do solo da área experimental foi realizada na camada de 20 a 40 cm (Tabela 2) conforme metodologia de Raij et al. (2001). A partir da análise química foi realizada uma adubação de fundação de acordo com Cavalcanti (2008).

Tabela 2. Resultado da análise de características químicas do solo na camada 20-40 cm.

Identificação da amostra	Determinação												
	C.E	pH	C	P	K	Na	Ca	Mg	Al	H+Al	SB	CTC	V
	mS cm <sup>-1</sup>	-	g Kg <sup>-1</sup> 1	mg dm <sup>-3</sup> 3					cmol c dm <sup>-3</sup>				%
20 – 40 cm	0,61	5,5	0,0	0,92	0,32	0,09	1,7	0,80	0,05	1,0	2,9	3,9	75,2

O estudo foi realizado em outubro de 2019 a julho de 2020 (Figura 1). Após 60 dias do transplântio foi realizado um corte de uniformização nas plantas a 10 cm do solo. A avaliação dos descritores teve início 12 dias após o corte de uniformização. Além do corte de uniformização, foram realizados mais dois cortes com intervalo de 60 dias um do outro após o corte de uniformização, sendo avaliada a produtividade da matéria fresca e seca.

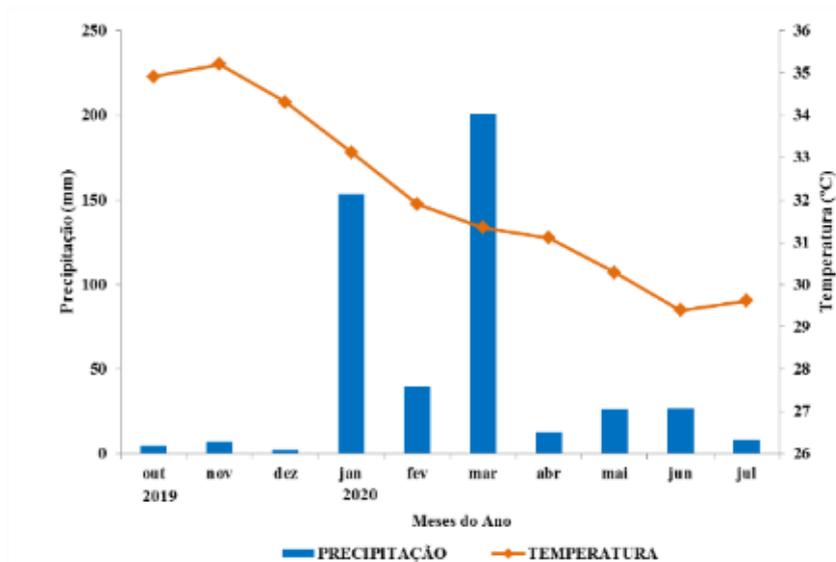


Figura 1. Dados climáticos do período de outubro 2019 a julho de 2020 registrados pela Estação Meteorológica da Embrapa Semiárido, localizada no Campo Experimental da Caatinga, em Petrolina, PE.

Finalizadas as avaliações de biomassa, a irrigação foi cessada e 90 dias após, foi realizada uma avaliação de tolerância ao déficit hídrico, sendo considerados tolerantes aqueles acessos que, após esse período, rebrotaram. Esse mecanismo de rebrota é extremamente importante para avaliar se o manejo que está sendo aplicado favorece a rebrota, ou seja, se a planta consegue perpetuar, emitindo novos perfilhos, como forma de garantir a produtividade e perenidade de um pasto mais vigoroso (MARTUSCELLO, et al., 2019; VOLENEC; NELSON, 2020; CRUZ et al., 2021).

#### Descritores analisados

A caracterização dos acessos foi baseada em 24 descritores morfoagronômicos, quantitativos e qualitativos de *Brachiaria*, disponibilizados pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (BRASIL, 2001). Os descritores quantitativos (Figura 2) foram: a) altura da planta (APL), medida com auxílio de uma régua graduada em cm, mensurado no centro da touceira até a folha bandeira, 30 dias após o corte de uniformização; b) a intensidade do perfilhamento basal (IPB), foi determinada por meio de contagem dos perfilhos basais, 45 dias após o corte de uniformização e expressa em perfilhos/m<sup>2</sup>; c) o diâmetro do colmo (DC), foi medido com o auxílio de um paquímetro digital, com valores expressos em mm, 35 dias após o corte de uniformização; d) o comprimento do internódio do

colmo (CIC), e o comprimento da lâmina foliar (CLF), foram medidos com régua graduada no terço médio da planta, com valores expressos em cm, sendo o comprimento da lâmina foliar medido ao longo da nervura central, considerando o ponto de inserção do limbo com a lígula até o ápice, 35 dias após o corte de uniformização; e) a largura da lâmina foliar (LLF) foi medida com o auxílio de um paquímetro digital, com valores expressos em mm; e a maior largura considerada na parte mediana da lâmina foliar, 35 dias após o corte de uniformização; f) o comprimento da haste floral (CHF), distância entre o nó da folha bandeira até a inserção do último racemo, 40 dias após o corte de uniformização; g) comprimento do eixo floral (CEF), distância entre as inserções do primeiro e do último racemo, 40 dias após o corte de uniformização; h) comprimento do racemo basal (CRB), também foram medidos com régua graduada, com valores expressos em cm, 40 dias após o corte de uniformização; i) a quantidade de racemo (QR) por inflorescência, 40 dias após o corte de uniformização; j) o número de inflorescência (NI) por planta, ; k) produtividade de matéria fresca (PMF), e l) produtividade de matéria seca (PMS).



Figura 2. Descritores morfoagronômicos quantitativos avaliados em acessos de *Urochloa* spp. A- comprimento da haste floral; A1- comprimento do eixo floral; B- intensidade do perfilhamento basal; C- altura da planta; D- comprimento da lâmina foliar; E- comprimento do racemo basal; F- produtividade de matéria fresca.

Os descritores qualitativos (Figura 3) mensurados foram: a) hábito de crescimento: 1- ereto, 3- intermediário e 5- prostado; b) arquitetura da folha: 1- ereta, 2- arqueada; c) pilosidade da bainha: 1- ausente ou muito pouco, 3- pouca, 5- média, 7- alta e 9- muito alta; d) distribuição da pilosidade na bainha: 1- glabra, 2- basal, 3- apical, 4- nas margens e 5- dispersa; e) forma da lâmina: 1- linear, 2- lanceolada; f) pilosidade da lâmina: 1- ausente ou muito pouco, 3- pouca, 5- média, 7- alta e 9- muito alta; g) distribuição da pilosidade na lâmina: 1- glabra, 2- na face dorsal, 3- na face ventral, 4- nas duas faces, 5- na base; e 6- nas margens; h) espiguetas: inserção na ráquis: 1- unisseriada, 2- bisseriada, 3- combinada; i) ciclo de florescimento: 3- precoce, 5- médio, 7- tardio; j) forma do rizoma: 1- globosa, 3-

intermediária, 5- alongada (a forma do rizoma foram avaliadas três meses após o corte de uniformização) ; k) estolões: 1- sem estolões, 9- estolonífera (o desenvolvimento dos estolões foram avaliados três meses após o corte de uniformização).



Figura 3. Descritores morfoagronômicos qualitativos avaliados em acessos de *Urochloa* spp. A- hábito de crescimento ereto; B- hábito de crescimento intermediário; C- pilosidade da lâmina ausente; D- pilosidade da lâmina em ambas as faces; E- inserção da espiguetas na ráquis do tipo bisseriada; F- inserção da espiguetas na ráquis do tipo combinada; G- forma do rizoma intermediária; H- estolões.

#### Análises estatísticas

Após a coleta dos dados foram realizados os testes de homogeneidade das variâncias (BARTLETT, 1937), bem como o teste de normalidade, utilizando o teste do qui-quadrado ( $X^2$ ). Em seguida, os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Skott;Knott (1974), a 5% de significância.

Para a representação gráfica da divergência genética dos acessos, por meio do dendrograma, foram geradas duas matrizes: a primeira de dados qualitativos, utilizando a distância euclidiana média não padronizada, e a segunda de dados quantitativos, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (1936). Após a obtenção da matriz única de dados qualitativos e quantitativos foi realizado o agrupamento dos acessos utilizando a ligação média entre grupos (UPGMA). O corte do dendrograma para a formação dos grupos foi estabelecido pelo método proposto por Mojena (1977). Também foi estimado o coeficiente de correlação cofenética (CCC). Todas as análises foram realizadas utilizando o software computacional GENES (Versão 2021.1.9) (CRUZ, 2016).

## Resultados e Discussão

### Análise da produtividade da matéria fresca e seca

Para análise do caráter de produtividade de matéria fresca (PMF) e produtividade de matéria seca (PMS), os valores dos quadrados médios obtidos na análise de variância demonstram que houve diferenças significativas entre os acessos avaliados no primeiro e segundo cortes, o que indica a existência de divergência genética entre eles (Tabela 3). Essa variação entre os acessos pode ser explorada na seleção dentro dos programas de melhoramento genético da espécie para o desenvolvimento de novos materiais.

Tabela 3. Resumo da análise de variância em blocos ao acaso da produtividade de matéria fresca (PMF) e produtividade de matéria seca (PMS) em kg/ha, avaliados em 15 acessos de capim urochloa após primeiro e segundo corte.

Fonte de variação	GL	Quadrados Médios			
		PMF		PMS	
		Corte 1	Corte 2	Corte 1	Corte 2
Bloco	2	877056,09	180299,02	124299,62	379536,2
Acessos	14	101307618,86 **	66738788,46 **	5139087,98 **	4703795,00 **
Resíduo	28	1012106,04	1113156,99	496589,53	544678,41
Média geral		23190,71	12589,64	5567,22	3423
CV (%)		4,34	8,38	12,66	21,56

\*\* significativos a 1% de significância; respectivamente; pelo teste F.

Os valores médios de produtividade de matéria fresca e seca do corte 1 e 2 por acesso segundo o agrupamento de Skott;Knott (1974) ao nível de 5% de significância, demonstraram a formação de diferentes grupos (Tabela 4) reforçando a existência de variação entre os acessos.

Tabela 4. Valores médios da produtividade de matéria fresca (PMF) e produtividade de matéria seca (PMS) em kg/ha, avaliados em 15 acessos de capim urochloa após o primeiro e segundo corte.

Acessos	PMF		PMS	
	Corte 1	Corte 2	Corte 1	Corte 2
UmCO-11 (2)	31.026a	12.443c	8.960a	3.252b
UaCO-15 (1)	28.980b	13.024c	6.416b	2.906b
UmCO-2 (2)	28.771b	14.055c	5.794c	3.109b
UmCO-5 (2)	27.632b	20.858a	6.293b	5.623a
UmCO-8 (1)	26.064c	14.234c	5.469c	3.531b
UbCO-16 (1)	25.987c	12.362c	5.229c	3.698b
UmCO-10 (2)	25.710c	13.027c	5.565c	2.617c
UoCO-18 (1)	24.859c	17.391b	5.529c	3.999b
UmCO-13 (2)	24.064d	21.347a	6.091b	5.939a
UmCO-4 (1)	22.299e	12.820c	4.901c	3.326b
UmCO-6 (1)	18.708f	6.033e	4.739c	1.920c
UspCO-23 (1)	17.708f	8.505d	4.268c	2.527c
UmCO-9 (1)	17.054f	6.856d	4.008d	1.927c
UmCO-1 (1)	16.199f	12.438c	5.116c	4.898a
UmCO-7 (1)	11.233g	4.623e	3.138d	2.068c

<sup>1</sup> Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na coluna não diferem estatisticamente entre si de acordo com o teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Considerando o caráter produtividade de matéria fresca no corte 1, o agrupamento de médias gerou sete grupos, onde o valor médio de produtividade variou de 11.233 kg/ha a 31.026 kg/ha, destacando-se o acesso UmCO-11 (2) com a maior média. Enquanto que no corte 2, os valores médios variaram de 4.623 kg/ha a 21.347 kg/ha, proporcionando a formação de cinco grupos, com destaque para os acessos UmCO-13 (2) e UmCO-5 (2).

Observa-se uma redução na produtividade fresca no segundo corte, quando comparado com o primeiro, ao qual pode estar associado à primeira adubação da área onde os materiais tiveram um melhor desempenho. Fato parecido foi observado por Favare (2019), ao avaliar a produtividade de matéria seca em capim elefante (*Pennisetum purpureum* Shum.), comportamento este associado à redução de fertilidade do solo e por consequência a não reposição dos nutrientes via adubação. Sá Junior et al. (2018), ao avaliarem a taxa de acúmulo de fitomassa do capim urochloa sob doses de esterco suíno, e diferentes alturas de corte, verificaram, comportamento semelhante ao do presente estudo, onde a maior taxa de acúmulo de fitomassa ocorreu no primeiro ciclo.

Dentre os 15 acessos, UmCO-13 (2) e o UmCO-5 (2), apresentaram valores médios ambos os cortes, no corte 1 (24.064 kg/ha) e (27.632 kg/ha), respectivamente, sendo alocados em grupos distintos, enquanto que no corte 2 (21.347 kg/ha) e (20.858 kg/ha), respectivamente, e esses mesmos acessos compuseram o grupo “a” (Tabela 4). Essa manutenção da produtividade pode estar associada ao um conjunto de fatores, como a capacidade fotossintética da planta, ao índice de área foliar, a altura da planta e a interceptação luminosa, ocorrendo um maior acúmulo líquido de forragem e uma elevada produção de matéria seca (BORGES et al., 2011; ANJOS; CHAVES, 2021; REIS et al., 2021), levando a inferir que, para esse carácter, os acessos demonstram superioridade por manterem altos níveis de produtividade nos dois ciclos de corte.

Bueno et al. (2015) e Alves (2016), ao avaliarem a produção de biomassa de diferentes genótipos de *Urochloa*, obtiveram médias similares ao do presente estudo, para o acesso UmCO-13 (2). O acesso UmCO-7 (1), apresentou a menor média nos dois cortes, no primeiro com 11.233kg/ha, e no segundo com 4.623kg/ha (Tabela 4). Este resultado pode estar associado ao fato de o acesso ter apresentado florescimento precoce e um maior número de inflorescência. Esse carácter favorece uma maior produção de sementes indicando uma provável competição por nutrientes, onde a maior parte é direcionada para fase reprodutiva, e consequentemente, uma menor taxa de produção de folhas e uma baixa produção de biomassa, por decorrência do rápido processo de senescência da planta. Resultados semelhantes foram encontrados por Patês (2009) ao avaliar características estruturais de *Panicum maximum* “Atlas” sob diferentes doses de nitrogênio.

Ainda com relação à produtividade de matéria fresca, em trabalho realizado por Gobbi et al. (2018), as cultivares Xaraés, MG-4 destacaram-se por apresentarem as maiores massas de forragem anual na estação chuvosa, com 17.544 e 20.081 kg/ha/ano, respectivamente. Bem como, Santos et al. (2003), registraram valores próximos ao encontrados no presente trabalho para produtividade de matéria fresca, de 25 t/ha/35 dias para *Urochloa brizantha* “Marandu”. Os acessos de *Urochloa* avaliados no presente trabalho, apresentaram um bom desempenho produtivo quando comparado aos mencionados.

Para a variável de produtividade de matéria seca (PMS), o agrupamento de médias dividiu os acessos em quatro grupos no corte 1, a média de produtividade, variou entre 3.138 kg/ha e 8.960 kg/ha, nos acessos UmCO-7 (1) e UmCO-11 (2), respectivamente. No corte 2, o teste de média permitiu a formação de três grupos, a média encontrada para PMS variou de 1.920 kg/ha a 5.623 kg/ha, UmCO-6 (1) e UmCO-13 (2), respectivamente (Tabela 4).

Rodrigues (2004), avaliando a produção de matéria seca (MS) de quatro cultivares de *U. brizantha* sob irrigação, encontraram produções variando de 5.856 e 6.211 kg/ha de MS, respectivamente, em condições de campo. Oliveira et al. (2016), avaliando a capacidade de produção de matéria seca de diferentes forrageiras, encontraram valor médio de 4.350 kg/ha para *U. mosambicensis*, em condições de sequeiro. Já Sá Junior et al. (2018), ao avaliarem a produtividade sob a adubação com esterco suíno verificaram que tal condição experimental proporcionou um acúmulo de 3.120 kg/ha de matéria seca do capim *Urochloa* na altura de corte de 10 cm.

Melo et al. (2020); Melo et al. (2021), e Rodrigues et al. (2022) ao avaliarem a produtividade de matéria seca para os capins *brizantha* e *ruziziensis*, obtiveram valores semelhantes aos acessos do presente estudo. Tais resultados evidenciam o potencial produtivo para utilização como forrageira do *Urochloa mosambicensis* e demais acessos avaliados.

Após o corte da irrigação, os acessos foram observados durante o período de 90 dias, e a maioria apresentou respostas satisfatórias, exibindo capacidade de rebrota e sobrevivência dos mesmos. No entanto, os acessos UmCO-7 (1), UmCO-6 (1), e UmCO-1 (1), foram mais sensíveis durante o período de déficit hídrico, e não sobreviveram. Devido à estiagem, comum na região semiárida do Nordeste, a identificação de acessos tolerantes ao estresse provocado pelo déficit hídrico é de grande valia para exploração dentro dos programas de melhoramento para espécie. A identificação e posterior utilização dos acessos tolerantes ao estresse hídrico, que avançam em programas de melhoramento podem ser de grande potencial, principalmente, quando são destinadas à alimentação animal, em uma região onde a escassez de água e alimento é grande.

#### Análise dos descritores quantitativos e qualitativos

Com base na análise de variância foi observada diferença significativa entre os acessos para 11 descritores estudados, indicando a existência de divergência genética entre os acessos (Tabela 5).

Tabela 5. Resumo da análise de variância de 11 descritores morfoagronômicos avaliados em 15 acessos de capim urochloa após o corte de uniformização.

Fonte de variação	Quadrados Médios						
	Planta			Colmo		Folha	
	GL	<sup>1</sup> APL	IPB	CIC	DC	CLF	LLF
Bloco	2	4,81	77331,75	0,46	5,13	2,53	0,45
Acessos	14	200,54 **	92257,89 **	4,73 **	11,95 **	16,39 **	3,98 **
Resíduo	28	7,27	15102,54	0,15	1,72	2,90	0,60
Média geral		53,45	782,51	11,51	15,03	13,58	10,84
CV (%)		5,05	15,70	3,38	8,72	12,54	7,17

Fonte de variação	Quadrados Médios					
	Inflorescência					
	GL	<sup>1</sup> CHF	CEF	CRB	QR	NI
Bloco	2	57,15	0,09	0,11	0,36	153,89
Acessos	14	25,58 **	3,30 **	1,54 **	1,26 *	9176,99 **
Resíduo	28	8,41	0,20	0,28	0,48	242,84
Média geral		25,42	5,55	3,91	4,69	130,29
CV (%)		11,4	8,07	13,5	14,69	11,96

\*\* significativos a 1% de probabilidade; respectivamente; pelo teste F. APL - altura da planta, IPB – intensidade do perfilhamento basal, CIC – comprimento do internódio do colmo, DC - diâmetro do colmo, CLF - comprimento da lâmina foliar, LLF - largura da lâmina foliar, CHF – comprimento da haste floral, CEF - comprimento do eixo do floral, CRB – comprimento do racemo basal, QR – quantidade de racemo, NI – número de inflorescência. CV(%) = Coeficiente de variação.

O coeficiente de variação que no presente estudo variou de 3,38 a 15,70 (Tabela 5). Os resultados obtidos no presente estudo, para o CV, quando comparado a outros trabalhos, foi dentro do esperado para a maioria das variáveis. Resultados similares foram encontrados por Santos et al. (2019), ao avaliarem as características estruturais de duas cultivares de *Urochloa brizantha*, em casa de vegetação, onde obtiveram coeficiente de variação próximo ao do presente trabalho para o comprimento da lâmina foliar (11,64%).

Para a variável altura da planta, baseado no teste de médias, foram gerados 4 grupos. Os acessos UmCO-5 (2) e UmCO-11 (2) apresentaram os maiores valores de 71 cm e 66 cm, respectivamente (Tabela 6).

Tabela 6. Teste de Scott e Knott (1974) para os dados médios de 11 descritores avaliados em 15 acessos de capim urochloa.

Acessos	<sup>1</sup> Características morfoagronômicas										
	APL (cm)	IPB (m <sup>2</sup> )	CIC (cm)	DC (mm)	CLF (cm)	LLF (mm)	CHF (cm)	CEF (cm)	CRB (cm)	QR (unit)	NI (unit)
UmCO-5 (2)	71a	694b	13,33a	1,99a	18,25a	9,76b	24,95b	6,19b	3,15b	5a	112d
UmCO-11 (2)	66a	803a	10,57c	1,40c	13,81c	9,96b	23,05b	4,13d	3,02b	4b	105d
UbCO-16 (1)	60b	865a	9,71d	1,58b	12,78c	12,03a	22,04b	4,93c	3,77b	4b	142c
UmCO-9 (1)	59b	450b	13,34a	1,35c	15,15b	11,46a	30,51a	6,59b	5,01a	4b	198b
UaCO-15 (1)	55c	969a	9,93d	1,67b	12,06c	10,50b	21,38b	4,30d	3,80b	5a	46e
UmCO-4 (1)	55c	728b	11,11c	1,62b	13,31c	12,86a	27,72a	5,61b	4,45a	4b	119d
UoCO-18 (1)	54c	896a	9,78d	1,50c	13,39c	12,63a	21,66b	4,36d	3,27b	5a	108d
UmCO-1 (1)	52c	871a	12,31b	1,21c	13,33c	11,50a	26,10a	6,06b	5,31a	4b	197b
UmCO-8 (1)	51c	914a	10,79c	1,70b	18,58a	9,70b	30,08a	7,81a	3,56b	5a	68e
UmCO-2 (2)	51c	1021a	12,07b	1,44c	10,52c	9,16b	27,93a	5,09c	3,78b	4b	148c
UmCO-13 (2)	47d	691b	12,86a	1,30c	14,99b	10,20b	25,51a	6,41b	3,24b	5a	85e
UmCO-7 (1)	45d	601b	10,75c	1,55b	11,88c	10,46b	24,62b	5,28c	4,12a	5b	240a
UmCO-6 (1)	44d	1032a	11,78b	1,24c	11,09c	11,93a	22,51b	4,31d	3,16b	3b	157c
UmCO-10 (2)	44d	624b	11,47c	1,50c	12,40c	10,63b	26,62a	5,93b	4,27a	6a	62e
UspCO-23 (1)	43d	574b	12,80a	1,45c	12,09c	9,80b	26,63a	6,23b	4,66a	5a	166c

<sup>1</sup> Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na coluna não diferem estatisticamente entre si de acordo com o teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. .APL - altura da planta, IPB - intensidade do perfilhamento basal, CIC - comprimento do internódio do colmo, DC - diâmetro do colmo, CLF - comprimento da lâmina foliar, LLF - largura da lâmina foliar, CHF - comprimento da haste floral, CEF - comprimento do eixo do floral, CRB - comprimento do racemo basal, QR - quantidade de racemo, NI - número de inflorescência.

Pinto et al. (2021), avaliando a produtividade de forragem verde em clones de *U. ruziziensis*, em intervalos entre corte de 70 dias, constataram uma variação média para altura de 71,63 cm, onde as médias foram separadas em quatro grupos. Melo et al. (2020), ao avaliarem a altura de *U. brizantha* sob diferentes lâminas de irrigação, verificaram altura média de 43 cm aos 34 dias de crescimento. Enquanto que Rezende et al. (2011), ao avaliarem *U. brizantha* “Marandu”, submetidos a diferentes dosagens de fósforo, em vaso, registaram o mesmo padrão de altura da planta, quando comparado aos do presente estudo, para 60 dias após o corte de uniformização.

Em relação à intensidade perfilhamento basal, as maiores médias foram identificadas nos acessos UmCO-6 (1) e UmCO-2 (2), com 1032 e 1021 perfilhos/m<sup>2</sup>, respectivamente. Esse potencial de perfilhamento basal, também foi constatado por Bueno et al. (2019) ao avaliarem

diferentes acessos de *Urochloa mosambicensis*. Em contrapartida os acessos com menor perfilhamentos foram UmCO-9 (1) e UspCO-23 (1) com 574 e 450 perfilhos/m<sup>2</sup>, respectivamente. Os resultados obtidos no presente estudo, foram superiores aos encontrados por Rezende et al. (2011) com 796,17 perfilhos/m<sup>2</sup>, para *U. brizantha* “Marandu” e Rodrigues et al (2022) 263 perfilhos/m<sup>2</sup> para *U. ruzizienses*. A intensidade de perfilhamento está diretamente ligada à capacidade de rebrota, onde seu potencial depende da emissão de folhas, e o seu estabelecimento ao longo do tempo garante uma persistência do ciclo de vida da planta, além de assegurar maior proteção do solo e determina a produção de forragem (SANTOS et al., 2009; ALVES, 2016).

Quanto à característica relacionada ao colmo, observa-se que o comprimento do internódio variou de 9,71 a 13,34 cm. O diâmetro médio do colmo apresentou valores de 1,21 mm a 1,99 mm, com destaque para os acessos UmCO-1 (1) e UmCO-5 (2). O diâmetro do colmo é extremamente importante para o desenvolvimento das gramíneas, e de acordo com Kirchner et al. (2020), conforme o diâmetro do colmo aumenta, maior será a capacidade de rebrota, contribuindo assim para aumentar o número de folhas, que serão utilizadas para alimentação animal. Por outro lado, o aumento do diâmetro do colmo pode indicar maior teor de fibra e lignina, o que pode levar a uma menor digestibilidade da planta diminuindo o desempenho animal (NASCIMENTO et al., 2023).

Os acessos UmCO-5 (2) e UmCO-8 (1) apresentaram o maior comprimento da lâmina foliar, com 18,25 e 18,58 cm, respectivamente, enquanto que UmCO-2 (2) apresentou o menor valor, 10,52 cm. Para a largura da lâmina foliar, o agrupamento de médias, gerou 2 grupos, onde os acessos UmCO-4 (1), UoCO-18 (1) e UbCO-16 (1), tiveram médias, variando entre 12,03 a 12,86 mm. De acordo com Migliorini et al. (2012), lâminas foliares mais largas e longas constitui característica desejável à forrageira por estar diretamente relacionada à qualidade da forragem, onde se encontram a maior concentração de nutrientes, o que podem facilitar o processo de forrageamento dos animais (LIMA; DEMINICIS, 2008; OLIVEIRA et al., 2019).

Resultados semelhantes foram encontrados por Assis et al. (2003) para seis espécies de *Urochloa*, estes autores encontraram para o comprimento da lâmina foliar médias que variaram de 19,14 cm a 20,87 cm e para a largura da lâmina foliar 8,16 mm a 17,08 mm.

Para os descritores relacionados a inflorescência, verifica-se que para a variável número de inflorescência, os acessos foram separados em cinco grupos, e que o acesso UmCO-7 (1) foi o que apresentou a maior média para esta característica, ficando sozinho no primeiro grupo (Tabela 5). De acordo com Bruno et al. (2017); Catuchi et al. (2019), o desenvolvimento das

estruturas reprodutivas está diretamente relacionado com a produção de sementes que podem ser influenciadas por diversos fatores genéticos e ambientais.

Em relação ao comprimento da haste floral, dois grupos foram formados, estando os acessos UmCO-13 (2), UmCO-1 (1), UmCO-10 (2), UspCO-23 (1), UmCO-4 (1), UmCO-2 (2), UmCO-8 (1) e UmCO-9 (1) com as maiores médias. Para o comprimento do eixo floral quatro grupos foram estabelecidos, em que o UmCO-8 (1) apresentou a maior média, e para o comprimento do racemo oscilou entre 3,02 cm UmCO-11 (2) a 5,31 cm UmCO-1 (1).

Em relação à quantidade de racemos, houve a formação de dois grupos, onde o acesso UmCO-10 (2) apresentou valor médio de 6 racemos por inflorescência, e UmCO-6 (1) ficou no grupo dois com a menor média (Tabela 4). De acordo com Quadros et al. (2010), quanto maior o comprimento do racemo, maior o compartimento de produção de sementes e automaticamente maior capacidade a planta terá em se reproduzir.

Assis et al. (2003), ao avaliarem as características reprodutivas para seis espécies de *Urochloa*, encontraram resultados similares, para o comprimento da haste floral com valores de 25,67 cm a 34,15 cm, para comprimento do eixo floral de 6,05cm a 11,07 cm, para o comprimento do racemo de 3,58 cm a 8,70 cm e o número de racemos variou de 3 a 5 racemos por inflorescência.

No que diz respeito aos descritores qualitativos, para o hábito de crescimento, foram identificados doze acessos com crescimento ereto, três acessos com crescimento intermediário. Em relação ao crescimento, os acessos UmCO-2 (2), UmCO-9 (1) e UspCO-23 (1) apresentaram crescimento intermediário.

Todos os acessos avaliados apresentaram estolões e forma do rizoma intermediária. Essas estruturas são caules modificados que se reproduzem assexuadamente, permitindo que a planta, no caso das gramíneas, produza o maior número de perfilhos, o que permite maior capacidade de rebrota a planta e protegem durante o pastejo (RECHENTHIN, 1956; GUO et al., 2021).

Os rizomas por serem caules subterrâneos são utilizados pelas plantas para armazenar água e nutrientes, que são alocados para o desenvolvimento da planta (GUO et al., 2021). Além disso, estão ligados estrategicamente ao crescimento perene, apresenta maior resistência em período de leve estiagem, (ZHOU et al., 2014; GUO et al., 2021).

De modo geral, todos os acessos apresentaram arquitetura da folha do tipo ereta e forma do tipo lanceolada. Quanto a pilosidade e sua distribuição na bainha e na lâmina foliar, foi observado grande variação entre os acessos. O acesso UmCO-2 (2) apresentou alta pilosidade com distribuição dispersa, esse mesmo acesso apresentou alta pilosidade na lâmina foliar

distribuída ambas as faces. Segundo Mansoor et al. (2002), a pilosidade é uma característica que pode desempenhar um importante papel na adaptação a tolerância a seca, uma vez que ela minimiza a perda de água por transpiração, além de estarem relacionadas a palatabilidade dos animais (SILVA et al., 2009).

Já os acessos UmCO-10 (2), UmCO-8 (1), UmCO-5 (2) e UmCO-1 (1), apresentaram pouca pilosidade tanto na bainha quanto ao longo de toda a região da folha, com distribuição dispersa na bainha e em ambas faces da lâmina foliar. O acesso UmCO-4 (1) apresentou pouca pilosidade distribuída ao longo da folha e em ambas as faces. Já os acessos UmCO-9 (1) e UspCO-23 (1), as lâminas foliares apresentaram pilosidade média distribuída em ambas as faces. Enquanto que a pilosidade esteve ausente nos seguintes acessos: UmCO-11 (2), UmCO-7 (1), UmCO-6 (1), UmCO-13 (2), UoCO-18 (1), UmCO-UaCO-15 (1) e UbCO-16 (1).

Para a inserção da espiguetta na ráquis, os acessos UmCO-2 (2), UmCO-10 (2) e UmCO-9 apresentaram a inserção do tipo combinada, que se refere àquelas que apresentam simultaneamente inserção uni e bisseriada. Enquanto que os demais acessos apresentaram a inserção da espiguetta na ráquis do tipo bisseriada.

Com relação ao ciclo de florescimento, avaliado com doze dias após o corte de uniformização, apesar de ter sido registrado todos os padrões (precoce, intermediário e tardio) os acessos: UmCO-7 (1), UmCO-6 (1) e UmCO-1 (1), apresentaram florescimento precoce. De acordo com Wolabu et al. (2023), esse tipo de comportamento pode apresentar vantagens relacionadas com a produção de sementes, visto que, a coleta dessas sementes pode ser realizada de maneira mais rápida.

Ainda de acordo com o florescimento, os acessos UmCO-11 (2), UmCO-4 (1), UmCO-2 (2) e UmCO-10 (2) apresentaram florescimento intermediário (médio), enquanto os demais tiveram o tipo de florescimento tardio. Em forrageiras, a floração intermediária a tardia pode influenciar na produtividade de biomassa e conseqüentemente na qualidade nutricional (WOLABU et al., 2023). Os diferentes comportamentos dos acessos para o carácter em questão evidencia o potencial dos mesmos para exploração dentro do programa de melhorando da espécie.

#### Análises multivariadas para estudo de divergência genética entre acessos de *Urochloa* spp

De acordo com Sokal; Rohlf (1962), para se ter uma boa representação gráfica do dendrograma, o Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC) deve ser superior a 0,7. Desse modo, o resultado obtido no presente trabalho (0,91) para esse parâmetro (Figura 1), indica o

alto grau de confiabilidade das informações utilizadas na representação dos acessos, indicando que o dendrograma obtido reproduz de modo satisfatório a informação contida na matriz de dissimilaridade e nos grupos formados.

O dendrograma (Figura 1) foi obtido a partir da matriz de dissimilaridade gerada pela soma das matrizes dos caracteres qualitativos e quantitativos. E a partir do ponto de corte, determinado com base no método de Mojena (1977), foi estabelecida a formação de 10 grupos (Figura 1), para os 15 acessos. O grupo II foi constituído pelos acessos UmCO-7 (1) e UmCO-6 (1), o grupo VII reuniu acessos UmCO-8 (1) e UmCO-5 (2), e um subgrupo formado, pelos acessos UmCO-13 (2), UoCO-18 (1), UaCO-15 (1), e UbCO-16 (1), já os demais grupos reuniram apenas um genótipo cada (Figura 4).

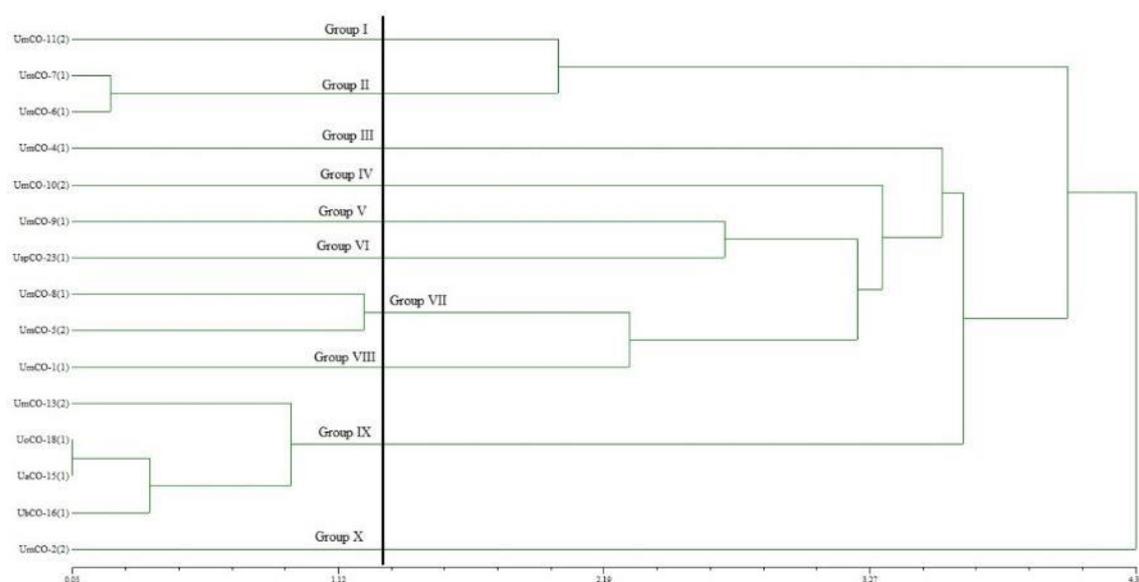


Figura 4. Dendrograma representativo da diversidade genética entre 15 acessos de *Urochloa* spp. obtido pelo agrupamento da ligação média entre grupos (UPGMA), com CCC= 91%.

De acordo com Vieira et al. (2008), Barros et al. (2020) e Cordeiro et al. (2021), a formação de grupos com apenas um genótipo evidencia a variabilidade existente nos acessos estudados. Comportamento este de grande valia para os melhoristas, pois indica a existência de elevado contraste entre os genótipos, o que possibilita sua exploração para os mais variados objetivos dos programas de melhoramento.

O grupo II, formado pelos acessos UmCO-7 (1) e UmCO-6 (1), apesar de serem de origens distintas, apresentaram características determinantes que os alocaram juntos, sendo elas o florescimento precoce e ausência da pilosidade da bainha e na lâmina foliar.

Os acessos UmCO-8 (1) e UmCO-5 (2) têm a mesma origem geográfica, ambos

apresentaram boa produtividade, maior comprimento da lâmina foliar com pouca pilosidade na bainha ao longo da lâmina foliar, com distribuição dispersa em ambas as faces.

No que diz respeito ao grupo IX, este foi formado por quatro espécies diferentes, e de origens distintas, e uma das características que mais contribui para essa formação foi a ausência da pilosidade da bainha e na lâmina foliar, a inserção da espiguetas na ráquis do tipo “bisseriada”, florescimento tardio, a intensidade de perfilhamento basal e alta produtividade de matéria seca.

O grupo X, composto pelo acesso UmCO-2 (2), foi o mais divergente entre os demais acessos, apresentou um hábito de crescimento intermediário, florescimento intermediário, a inserção da espiguetas na ráquis foi do tipo “combinado”, alta pilosidade distribuída em ambas as faces da folha, alta intensidade de perfilhamento basal e boa cobertura do solo.

De acordo com Benin et al. (2002), quanto mais distantes os grupos, mais divergente são, possibilitando assim um possível cruzamento, novas recombinações, ampliando a variabilidade dentro da espécie. Fatores estes que não ocorrem em plantas apomíticas devido os descendentes serem clones da planta mãe, representando o estreitamento da base genética dentro do programa de melhoramento da espécie. O comportamento observado entre os acessos do presente estudo, reforça a existência de divergência genética entre os genótipos. Gonçalves et al. (2011), Assis et al. (2014), e Torres et al (2015), ao trabalharem com *Urochloa* verificaram divergência genética entre o conjunto de materiais, que foram diferentes em cada estudo, o que corrobora com os resultados do presente trabalho e reforçam a importância da existência de ampla divergência genética dentro da espécie, e a importância em caracterizar o germoplasma disponível de *Urochloa mosambicensis*.

## **Conclusões**

Os acessos de *Urochloa* spp. caracterizados demonstraram possuir uma grande variabilidade para a maioria dos descritores avaliados. Alguns dos descritores, como produção, altura da planta, intensidade de perfilhamento e número de inflorescências, bem como aqueles acessos que foram identificados como possíveis tolerantes ao estresse hídrico, poderão vir a ser incorporados em programas de melhoramento com vista à obtenção de novas cultivares. Os acessos UmCO-2 (2), UmCO-13 (2), UmCO-5 (2) e UmCO-8 (1) apresentam características promissoras para produção de forragem. Uma vez que algumas das características morfológicas são influenciadas pelo ambiente, esta caracterização dever-se-á repetir mais um ou dois anos e ser complementada por uma caracterização molecular.

## Referências

- ABREU, A.M.A. et al. Panorama Socioeconômico da Pecuária Leiteira no Município de Pindaí/Ba Semiárido Baiano. **Enciclopédia Biosfera**, v.14, n.25, p.402, 2017.
- ALVES, M. M. de A. **Caracterização morfofisiológica de genótipos de *Urochloa mosambicensis* como subsídio para programas de melhoramento vegetal**. 2016. 59 f. Dissertação (Mestre em Zootecnia) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2016.
- ALVES, M. M. de A. et al. Avaliação de características estruturais de acessos de *Urochloa mosambicensis*. In: XXV CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 2015. Fortaleza. **Anais...** Fortaleza. Associação Brasileira de Zootecnistas. 2015a.
- ALVES, M. M. de A. et al. Avaliação morfogênica de acessos *Urochloa mosambicensis* para o semiárido. In: XXV CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 2015. Fortaleza. **Anais...** Fortaleza. Associação Brasileira de Zootecnistas. 2015.
- ANJOS, A. J. dos; CHAVES, C. S. Características do componente forrageiro em sistemas silvipastoris. **Scientific Electronic Archives**, v.3, n.3, p. 53-64, 2021.
- ASSIS, G. M. L. da et al. Discriminação de espécies de *Brachiaria* baseada em diferentes grupos de caracteres morfológicos. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.32, n.3, p.576-584, 2003.
- ASSIS, G. M. L. de et al. Genetic divergence among *Brachiara humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.14, p,224-231, 2014.
- BARROS, et al., Diversidade genética entre acessos de mandioca por meio de caracteres agronômicos. **Ensaio e Ciências**, v. 24, n. 1, p. 29-35, 2020.
- BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceedings of the Royal Statistical Society** - Serie A, v. 60, n. 1, p. 268-282, 1937.
- BENIN, G. et al. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira Agrociência**, v.8, p.179-1984, 2002.
- BEZERRA, F. J. S. de M. et al. Características agronômicas de *Urochloa mosambicensis* em função do nitrogênio e fósforo. **Agrarian Academy**, v.4, n.7; p. 92-102, 2017.
- BEZERRA, R. C. A. et al. Características agronômicas de *Urochloa mosambicensis* sob diferentes níveis de fósforo e nitrogênio. **Magistra**, v. 30, p.268 - 276, 2019.
- BRASIL - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (2001) Instruções para execução de ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade a cultivares de brachiarias. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Brasília, DF. Available at: [https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos-forrageiras/brachiaria\\_brizantha\\_us.doc/view](https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos-forrageiras/brachiaria_brizantha_us.doc/view). Access

et: 05 set 2019.

BORGES, M. M. N. et al. Relação entre o fluxo luminoso interceptado em diferentes épocas no índice de área foliar de diferentes forrageiras. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n. 4, p. 1589-1594, 2011.

BRUNO, L. R. G. P. et al. Buffel grass morphoagronomic characterization from *Cenchrus* germplasm active bank. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 2, p. 487-495, 2017.

BUENO, L. G. et al. Caracterização estrutural e bromatológica de acessos de *Urochloa mosambicensis*. In: 8 Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2015, Goiânia. **Anais...** Goiânia: LGBIO-UFG, 2015.

BUENO, L. G.; BUENO, L. G.; ALVES, M. M. de A.; ROCHA, J. E. da S.; CAVALCANTE, A. C. R.; GALVANI, D. B.; DINIZ, F. M.; VALLE, C. B. do; CÂNDIDO, M. J. D. **Caracterização morfogênica de *Urochloa mosambicensis* para seleção de genótipos elite em programa de melhoramento de forrageiras**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2019. (Embrapa Caprinos e Ovinos. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 11).

BUENO, L. G. et al., Capim-urocloa, alternativa para região semiárida. In: Santos MVF dos, Neiva JNM (eds) **Culturas Forrageiras no Brasil: uso e perspectivas**, Suprema Gráfica, Visconde do Rio Branco, 2022. cap. 7, p. 170-196.

CAMURÇA, D.A. et al., Desempenho produtivo de ovinos alimentados com dietas à base de feno de gramíneas tropicais. **Rev Brasil Zootec** v. 31, p. 2113-2122, 2002.

CHAVES, C. L. et al. Heritability of growth traits in a natural population of the facultative apomictic tree *Aspidosperma polyneuron*. **Scientia Forestalis**, v. 47, n. 122, p. 286-293, 2019. <https://doi.org/10.18671/scifor.v47n122.11>

CARVALHO, J. D. et al. Características estruturais do capim-corrente (*Urochloa mosambicensis*) submetido a diferentes manejos de corte. In: II Simpósio de Produção Animal da UFRPE-UAST. 2018, Serra Talhada. **Anais...** Serra Talhada: UFRPE, 2018.

CATUCHI, T. A. et al. Nitrogen management of forage grasses for nutrition, seed production, and nutrients in residual straw. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.54, e00114, 2019.

CAVALCANTI, F. J. de A. (coord.). **Recomendações de adubação para o Estado de Pernambuco: 2a. aproximação. 3. ed. rev.** Recife: Instituto Agrônomo de Pernambuco, 2008. 212 p. il.

CORDEIRO, A. G. M. et al. Diversidade genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) a partir de caracteres morfoagronômicos. **Revista de Ciências Agroambientais**. v.19, n.2, p. 125-131, 2021.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, v.38, p.547-552, 2016.

- CRUZ, M. G. da et al. Características agronômicas de *Urochloa mosambicensis* adubado com esterco suíno sob duas alturas de corte. In: I CONIDIS. **Anais...**Campina Grande: Realize, 2016.
- CRUZ, M. G. da; LEITE, M. L. de M. V. Produtividade do capim-corrente submetido a diferentes alturas e frequências de corte. In: V CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA E ENSINO DE CIÊNCIAS. 2020, **Anais...**Campina Grande: Realize, 2020.
- CRUZ, N. T. et al. Fatores que afetam as características morfogênicas e estruturais de plantas forrageiras. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 7, p. 1-22, 2021.
- DRUMOND, M.; MORAES, A.S.; RIBASKI, J. Sistemas agroflorestais para o semiárido brasileiro. In: Florestas E (ed.) Congresso Brasileiro de Sistemas Agroflorestais - Políticas públicas, educação e formação em sistemas agroflorestais na construção de paisagens sustentáveis. 2013, **Anais...** Ilhéus, BA: Embrapa. 2013.
- FAVARE, H. G. de. **Genótipos de capim-elefante para produção de energia na forma de combustão**. 2019. 55 f. Tese (Doutorado em Agricultura Tropical) - Universidade Federal de Mato Grosso, Rio Branco, 2011.
- GOBBI, K.F. et al. Massa de forragem e características morfológicas de gramíneas do gênero *Brachiaria* na região do Arenito Caiuá/PR. **Nova Odessa**,v.75, p.1-9, 2018.
- GONÇALVES, F. M. A. et al. Dissimilaridade genética de clones de *Brachiaria ruziziensis* baseada em características morfológicas e de produção de forragem. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios. Panorama atual e perspectivas do melhoramento de plantas no Brasil **Anais..** Búzios: SBMP, 2011.
- GONÇALVES, M. B. et al. Produção de forragem e eficiência no uso do nitrogênio em Capim-corrente. **Caderno Ciências Agrárias**, v. 14, p. 01–09, 2022.
- GUO, L. et al., Developmental regulation of stolon and rhizome. **Current Opinion in Plant Biol.** v. 59, 101970, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.10.003>.
- HOJSGAARD; D.; HÖRANDL, E. The Rise of Apomixis in Natural Plant Populations. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, n. 358, 2019. doi: 10.3389/fpls.2019.00358
- JANK, L. et al. Forage Genetic Resources in Brazil. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 24., INTERNATIONAL RANGELAND CONGRESS, 11., 2020, Kenya. **Sustainable use of grassland and rangeland resources for improved livelihoods**. Proceedings... Kenya: Kenya Agricultural and Livestock Research Organization, 2021.
- JESUS, A. A. de et al. Ferramentas moleculares no melhoramento genético de *Megathyrus maximus* para o semiárido: uma revisão. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 10, p. 1-29, 2020.
- KIRCHNER, J. H. et al. Altura de plantas e diâmetro de colmos de sorgo forrageiro irrigado em função de cortes. **Irriga**, v. 25, n. 2, p. 223-233, 2020.
- LIMA, E. da S.; DEMINICIS, B. B. A importância da relação folha-colmo no cultivo do

capim-elefante. **PUBVET**, v.2, n.14, p.1-7, 2008.

MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistics. **Proceed National Instit Sci India**, v.2, p.9-55, 1936.

MANSOOR, U. et. Al., Ecotypic variability for drought resistance in *Cenchrus ciliaris* L. germplasm from Cholistan desert in Pakistan. **Int J Agric Biol** v.4, n.3, p. 392-397, 2002.

MARTUSCELLO, J. A. et al. Produção e morfogênese de capim brs tamani sob diferentes doses de nitrogênio e intensidades de desfolhação. **Nova Odessa**,v.76, p.1-10, 2019.

MELO, A. F. et al. Desempenho produtivo de cultivares de *Brachiaria brizantha* (syn. *Urochloa brizantha*) submetidas à adubação orgânica. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 7, p. 1-19, 2021.

MELO, M. C. et al. Crescimento e produtividade de *Brachiaria* adubada e irrigada por gotejamento subsuperficial. **Irriga**, Botucatu, v. 25, n. 1, p. 112-130, 2020.

MENEZES, A. P. M. **Caracterização morfológica, divergência genética e correlação entre caracteres em genótipos de amendoim forrageiro**. 2011. 137 f. Dissertação de (Mestrado) - Universidade Federal do Acre, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de concentração em Produção Vegetal. Rio Branco, 2011.

MIGLIORINI, F. et al. Defoliation frequency and severity of alexandergrass pasture under grazing intensities in continuous stocked by goats. **Synergismus scyentifica**, v. 7, p. 1-4, 2012.

MOJENA, R. Métodos de agrupamento hierárquico e regras de parada: uma avaliação. **The Computer Journal**, Londres, v. 20, n. 4, pág. 359-363, 1977.

NASCIMENTO, T. L. et al. Genetic diversity of *Macroptilium* accessions considering the increase in air temperature. **Bioscience Journal**, v. 39, p.1-9, 2023.

OLIVEIRA, J. dos S. et al. Structural and productive characteristics of *Urochloa* cultivars submitted to different defoliation frequencies in semiarid region. **Journal of Agricultural Studies**. v. 7, n. 3, p. 91-102, 2019.

OLIVEIRA, M. C. de. Capim-urocloa. In: KIILL, L. H. P.; MENEZES, E. A. (Ed.). **Espécies vegetais exóticas com potencialidades para o semiárido brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semiárido; Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2005.

OLIVEIRA M.C., et al., **Comportamento de gramíneas tropicais sob condições de pastejo intensivo por bovinos na região semiárida do nordeste do Brasil**. Petrolina: EMBRAPA-CPATSA, 1988. 15 p. (EMBRAPA-CPATSA. Documentos, 56).

OLIVEIRA M.C. **Capim-urocloa: produção e manejo no semiárido do Nordeste do Brasil**. Petrolina, PE: Embrapa, 1999.

OLIVEIRA, V. S. et al. Capacidade de suporte, produção e composição do dossel forrageiro de três gramíneas irrigadas ou não no período seco. **Veterinária e Zootecnia**, v.23, n.1, p. 88-92, 2016.

PATÊS, N. M. da S. **Características morfofisiológicas e Produção de dois cultivares de *Panicum maximum* adubados com nitrogênio**. 2009. 53 f. Dissertação (Mestre em Zootecnia) - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, 2009.

PAULA, T. A. de; FERREIRA, M. de A.; VÉRAS, A. S. C. Utilização de pastagens em regiões semiáridas: aspectos agronômicos e valor nutricional **Arquivos do Mudi**, v. 24, n. 2, p. 140-163, 2020.

PINTO, R. F. et al. Produtividade de forragem verde de clones melhorados de *Brachiaria ruziziensis*. In: PASSOS, L. P. (ed.). Coletânea de Iniciação Científica da Embrapa Gado de Leite-PIBIC CNPq 2020-2021. **Anais...** Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2021.

QUADROS, D.G. et al. Components of Seed Production of Two Cultivars of *Brachiaria brizantha* (Hochst. Ex A. Rich.) Stapf in Bahia Savannas. **Revista Científica de Produção Animal**, v.12, n.1, p.19-22, 2010.

RAIJ, B. van et al. Análise química para avaliação da fertilidade de solos tropicais. **Instituto Agrônomo**, Campinas, 2001. 285 p.

REIS, R. V. et al. Desempenho agrônômico de forrageiras tropicais. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 14, p.1-6, 2021.

RECHENTHIN, C.A. Elementary morphology of grass growth and how it affects utilization. **J Rang Manag.** v.9, p.167–170, 1956.

REZENDE, A. V. de et al. Características morfofisiológicas da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu em resposta à adubação fosfatada. **Revista Agrarian.** v.4, n.14, p.335-343, 2011.

RODRIGUES, D.C. **Produção de forragem de cultivares de *Brachiaria brizantha* (Host. ex A. Rich.) Stapf e modelagem de respostas produtivas em função de variáveis climáticas**. 2004. 94 f. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Universidade de São Paulo. Piracicaba, São Paulo, 2004.

RODRIGUES, R. C. et al. Productive characteristics and economic analysis of tropical forage grasses cultivated under different sowing methods in intercropping production systems. **Australian Journal of Crop Science.** v.16, n.7, p.933-940, 2022.

SÁ JÚNIOR, E. H. et al. Características agrônômicas de capim-corrente (*Urochloa mosambicensis*) adubado com esterco suíno e submetido a duas alturas de corte. **Ciência Agrícola**, v. 16, n. 1, p. 1-9, 2018.

SANTOS, D. N. Manejo da *Braquiária* cv. *Marandu* (*Urochloa brizantha*) e milheto (*Pennisetum glaucum* (L) R.BR) em área de plintossolos pétricos concrecionário. In: XIX Jornada de Iniciação Científica, 2019, Palmas. **Anais...** Palmas: Centro Universitário Luterano de Palmas, 2019.

SANTOS, M. E. R. et al. Caracterização dos perfilhos em pastos de capim-braquiária diferidos e adubados com nitrogênio. **Revista Brasileira de Zootecnia.** v.38, n.4, p.643-649, 2009.

SANTOS, M. V. F. dos et al. Produtividade e composição química de gramíneas tropicais na zona da mata de Pernambuco. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.32, n.4, p.821-827, 2003.

SCOTT. A. J.; KNOTT. M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**. v. 30. n. 3. p. 507-512. 1974.

SILVA, S. C. da; SBRISSIA, A. F.; PEREIRA, L. E. T. Ecophysiology of C4 Forage Grasses: understanding plant growth for optimising their use and management. **Agriculture**, v.5, p.598-625, 2015.

SILVA, S.H.B. et al., Uso de descritores morfológicos e herdabilidade de caracteres em clones de capim-elefante de porte baixo. **Rev Bras Zootec**. v.38, n. 8, p.1451-1459, 2009.

SIMEÃO, R.M. et al., Adaptation and indication of forage crops for agricultural production in sandy soils in western Bahia State, Brazil. **Acta Scient Agron**. v. 45, e56144, 2023. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v45i1.56144>

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, n. 2, p. 33-40, 1962.

TAURA, T. A. et al. Sistema de Informações Geográficas para o plano de manejo do Campo Experimental da Caatinga da Embrapa Semiárido. In: SEMINÁRIO DE ATUALIZAÇÃO EM SENSORIAMENTO REMOTO E SISTEMAS DE INFORMAÇÕES GEOGRÁFICAS APLICADOS À ENGENHARIA FLORESTAL, 10., 2012, Curitiba. **Anais...** Curitiba: IEP: UFPR, 2012.

TORRES, F. E. et al. Estimativa da divergência entre ecótipos de braquiária baseada em descritores quantitativos e qualitativos. **Ciência Rural**, v.45, n. 3, p.485-491, 2015.

VALLE, C.B. do et al., Gênero *Brachiaria*. In: Fonseca DM, Martuscello JA (ed.) **Plantas forrageiras**, UFV, Viçosa p. 30-77, 2010.

VIANA, O.J. Tem mais autores? Ensaio de Avaliação IV: comportamento do capim guinia (*Urochloa mosambicensis* (Hack) Dandy), nas condições litorâneas cearenses. **Ciência Agro-nômica**. v.2, p.29-31, 1972.

VIEIRA, E. A. et al. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. **Científica**, v.36, n.1, p.56 - 67, 2008.

VILELA, A. S. et al. Produção de fitomassa aérea e radicular de *Urochloa mosambicensis* sob efeito de adubação potássica. In: IV Reunião Nordestina de Ciência do Solo: uso sustentável do solo e segurança alimentar no nordeste brasileiro, 2017, Teresina. **Anais...** Teresina: NRNE/SBCS, Embrapa Meio-Norte, UFPI, UESPI, IFPI, 2017.

VOLENEC, J. J.; NELSON, C. J. Carbon Metabolism in Forage Plants. In: MOORE, , K. J., COLLINS, M., NELSON, C. J., REDFREARN, D. D. (Ed.). **Forages: The Science Of Grassland Agriculture**. Croydon: Willey Blackwell, 2020. cap. 4, v. 2, 2020. p.65-84.

VOLTOLINI, T.V. et al., Alternativas alimentares e sistemas de produção animal para o semiárido brasileiro. In: SA, I.B.; SILVA, P.C.G. da (Eds.). **Semiárido brasileiro: pesquisa, desenvolvimento e inovação**, Embrapa Semiárido, Petrolina. p. 199-242, 2010.

WOLABU, T.W. et al., Multiplex CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of alfalfa flowering locus Ta1 (MsFTa1) leads to delayed flowering time with improved forage biomass yield and quality. **Plant Biotechnology Journal**. v.21, p.1383-1392, 2023.

ZHOU, Y.; LAMBRIDES, C.J.; FUKAI, S. Drought resistance and soil water extraction of a perennial C4 grass: contributions of root and rhizome traits. **Functional Plant Biology**. v.41, p.505–519, 2014. [https://doi: 10.1071/FP13249](https://doi.org/10.1071/FP13249).

**CAPÍTULO 2 – Citogenética e marcadores moleculares SSR  
revelam diversidade e citotipos e tetraploides em  
*Urochloa mosambicensis***

Artigo submetido a revista Genetic Resources and Crop Evolution.

## RESUMO

*Urochloa* é um gênero da família Poaceae com várias espécies forrageiras importantes na agropecuária. Do ponto de vista citogenético, os números cromossômicos relatados do gênero *Urochloa* variam de  $2n=14$  a  $2n=90$ , com variação intraespecífica e tendência a tetraploidia para a maioria das espécies descritas para este gênero. O objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização citogenética de acessos de *Urochloa*, visando determinar o número cromossômico e o padrão de distribuição da heterocromatina pelo uso da coloração com fluorocromos CMA/DAPI, e estimar a diversidade genética utilizando marcadores moleculares SSR. Entre os acessos analisados, foram observados acessos diploides com  $2n=14$  cromossomos para as espécies *Urochloa mosambicensis*, *U. oligotricha*, *U. advena* e *U. brachyura*, e tetraploides com  $2n=28$  para *U. mosambicensis* e *Urochloa* sp. A dupla coloração CMA/DAPI permitiu a visualização de dois a sete blocos de heterocromatina CMA<sup>+</sup> nos cromossomos dos acessos diploides, enquanto que nos tetraploides esse número variou de três a seis blocos, indicando haver uma considerável variabilidade cromossômica tanto estrutural quanto numérica entre os acessos. Dos 21 marcadores SSR avaliados, 15 (71,42%) foram polimórficos com conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) variando de 0,117 a 0,581 permitindo diferenciar os genótipos de *Urochloa* e reunir os acessos em seis grupos. Observou-se uma correspondência entre o nível de ploidia e formação dos grupos, com acessos diploides e tetraploides sendo reunidos em grupos distintos com exceção de apenas um dos grupos.

**Key words:** Número Cromossômico. Apomixia. Gramíneas Forrageiras. Fluorocromos. Diversidade Genética.

## ABSTRACT

*Urochloa* is a genus of the Poaceae family with several important forage species in agriculture and livestock farming. From the cytogenetic point of view, the reported chromosome numbers of the genus *Urochloa* range from  $2n=14$  to  $2n=90$ , with intraspecific variation and tendency to tetraploidy for most species described for this genus. The aim of this study was to perform the cytogenetic characterization of *Urochloa* accessions, with a view to determining the chromosome number and distribution pattern of heterochromatin by the use of CMA/DAPI fluorochrome staining and estimating the genetic diversity using SSR molecular markers. Among the accessions analyzed, diploid accessions with  $2n=14$  chromosomes were observed for the species *Urochloa mosambicensis*, *U. oligotricha*, *U. advena* and *U. brachyura*, and tetraploids with  $2n=28$  for *U. mosambicensis* and *Urochloa* spp. The double CMA/DAPI staining allowed the visualization of two to seven blocks of CMA+ heterochromatin in the chromosomes of the diploid accessions; whereas, in the tetraploids, this number ranged from three to six blocks, indicating that there was a considerable chromosome variability, both structural and numerical, among the accessions. Of the 21 SSR markers evaluated, 15 (71.42%) were polymorphic with polymorphism information content (PIC) ranging from 0.117 to 0.581, allowing the differentiation of *Urochloa* genotypes and the group of accessions into six groups. Interestingly, correspondence was observed between the level of ploidy and the formation of groups, with diploid and tetraploid accessions being grouped into distinct groups, except for only one of the groups.

Keywords: Chromosome Number. Apomixis. Forage Grasses. Fluorochromes. Genetic Diversity.

## Introdução

O gênero *Urochloa* está entre as forrageiras mais cultivadas no Brasil, ocupando, em sua grande maioria, áreas na região Centro-Oeste do país, desempenhando importante papel na produção animal e nos sistemas de produção de carne e/ou leite (MELO et al., 2021). Atualmente a pecuária brasileira ocupa extensas áreas de pastagens, com mais de 150 milhões de hectares, com aproximadamente 224 milhões cabeças de gado, movimentando cerca de R\$ 913 bilhões (US\$ 170 bilhões), estando entre os países que mais produz e exporta carne bovina do mundo (ABIEC, 2023).

Apesar da grande relevância dessas gramíneas forrageiras para alimentação animal, existem poucas cultivares comerciais, o que significa que grandes áreas de produção são estabelecidas com número limitado de materiais genéticos. Os representantes do gênero *Urochloa* são de origem africana e foram introduzidos no Brasil por volta de 1952 (ALCANTRA, 1987). Entre as espécies mais utilizadas nas pastagens, estão *Urochloa brizantha* (Hochst. ex A. Rich.) R.D.Webster, com oito cultivares registradas no Ministério da Agricultura e Pecuária do Brasil, e a *U. decumbens* (Stapf) R.D.Webster, com apenas uma cultivar, sendo ambas as espécies tetraploides e apomíticas (MATIAS et al., 2020; FERREIRA et al., 2021). Por outro lado, *U. ruziziensis* é a única espécie sexual e diploide (TIMBÓ et al., 2014; MORAIS et al., 2018) estudada no gênero, o que permite o cruzamento com espécies apomíticas ampliando variabilidade genética.

As espécies que compõem este gênero apresentam diferentes níveis de ploidia, e a maioria reproduzem-se por apomixia (TOMASZEWSKA et al., 2023), ou seja, durante a formação da semente, o embrião formado, origina-se da partenogênese, sendo a semente formada sem que ocorra a fecundação, dando origem a clones idênticos à planta mãe (GAUER; CAVALLI-MOLINA, 2000).

Análises citogenéticas revelam que o número básico de cromossomos mais comum para o gênero *Urochloa* é  $x=9$  (de WET, 1986; BERNINI; MARIN-MORALES, 2001), porém também foram relatados  $x=8$ ,  $x=7$  (BASAPPA et al., 1987) e  $x=6$  (RISSO-PASCOTTO et al., 2006; BOLDRINI et al., 2009; WORTHINGTON et al., 2019), o que torna a citotaxonomia do gênero *Urochloa* complexa.

Além de análises cariológicas, a variação genética dentro do gênero tem sido estimada utilizando-se marcadores microssatélites do tipo SSR (*Simple Sequence Repeat*), permitindo diferenciar indivíduos homozigotos dominantes e recessivos, bem como os heterozí-

gotos, além de permitir encontrar marcadores úteis para uso no melhoramento genético (OLIVEIRA et al., 2021).

Entre as gramíneas forrageiras introduzidas no Brasil, *Urochloa mosambicensis* (Hack.) Dandy é uma espécie relativamente pouco estudada quando comparada a outras espécies forrageiras comerciais (VIANA, 1972; BUENO et al., 2022), com relatos relacionados às características estruturais (CARVALHO et al., 2018), morfogênicas (BUENO et al., 2019), agronômicas (GONÇALVES et al., 2022), e morfoagronômicas (MARTINS et al., 2023).

Mesmo com os avanços dos estudos de caracterização e de diversidade genética em espécies de plantas forrageiras, a falta de informações sobre o nível de ploidia, conteúdo genômico, bem como a estimativa da distância genética, para muitos genótipos, a exemplo da *U. mosambicensis*, são fundamentais para caracterização de germoplasma e geração de novas cultivares, buscando aprimorar características agronômicas, bem como agregar alelos de resistência a estresses ambientais e promover a melhoria da produtividade das forragens (ABD EL-FATTAH; HARIDY; ABBAS, 2020; DISTEL et al., 2020). Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização citogenética de acessos de *Urochloa*, assim como, estimar a diversidade genética utilizando marcadores moleculares SSR, visando identificar materiais contrastantes e identificar o número cromossômico e o padrão de distribuição da heterocromatina pelo uso da coloração diferencial com os fluorocromos CMA/DAPI, para aproveitamento dentro dos programas de melhoramento genético da espécie.

## **Materiais e Métodos**

### **Material vegetal**

As análises foram conduzidas no Laboratório de Biotecnologia Vegetal da Embrapa Semiárido (Petrolina-PE) utilizando-se sementes de 15 acessos de cinco espécies de *Urochloa* (*Urochloa mosambicensis*, *U. advena*, *U. brachyura*, *U. oligotricha* e *Urochloa* sp.), da coleção de forrageiras da Embrapa Caprinos e Ovinos, provenientes do banco de germoplasma da Embrapa Gado de Corte (Tabela 1).

Tabela 1. Lista e origem dos acessos do gênero *Urochloa* spp. utilizados no presente estudo.

<b>Acessos</b>	<b>Espécie</b>	<b>Origem</b>
UaCO-15 (1)	<i>U. advena</i> (Vickery) R.D.Webster	Lesotho
UbCO-17 (1)	<i>U. brachyura</i> (Hack. ex Schinz) Stapf	South Africa
UmCO-2 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-4 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zambia
UmCO-5 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-10 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-7 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-8 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-9 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-6 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zimbabwe
UmCO-1 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	Zambia
UmCO-13 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UmCO-11 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	South Africa
UoCO-18 (1)	<i>U. oligotricha</i> (Fig. & De Not.) Henrard.	Zimbabwe
UspCO-23 (1)	<i>Urochloa</i> sp.	Unknown

### Análise Citogenética

Para análise citogenética, utilizou-se meristemas radiculares obtidos de sementes germinadas em placas de Petri contendo papel de filtro úmido. Foram estudados treze acessos de *Urochloa*, sendo nove acessos de *Urochloa mosambicensis*: UmCO-1 (1), UmCO-2 (2), UmCO-4 (1), UmCO-5 (2), UmCO-6 (1), UmCO-7 (1), UmCO-10 (2), UmCO-11 (2) e UmCO-13 (2), e os outros quatro acessos compostos por espécies ainda sem exploração comercial: UaCO-15 (1) [*U. advena* (Vickery) R.D.Webster], UbCO-17 (1) [*U. brachyura* (Hack. ex Schinz) Stapf], UoCO-18 (1) [*U. oligotricha* (Fig. & De Not.) Henrard.] e UspCO-23 (1) (*Urochloa* sp.) (Tabela 1).

### Pré-tratamento, fixação e preparo das lâminas

As análises mitóticas foram realizadas segundo o protocolo descrito por Guerra e Souza (2002), onde pontas de raízes foram coletadas, pré-tratadas com 8-hidroxiquinoleína 0,002 M e fixadas em solução de Carnoy 3:1 (etanol: ácido acético glacial, v/v), sendo, em seguida armazenadas a -20 °C até a realização das análises.

Para o preparo das lâminas, o material vegetal foi lavado por cinco minutos em água destilada, repetindo-se este processo por duas vezes. Após a lavagem foi feita a digestão enzimática das raízes com uma solução contendo 2% de celulase + 20% pectinase a 37° por 4 horas. Após esse processo, foi retirado o excesso de enzima, acrescentando-se, logo em seguida, uma gota de ácido acético 45% visando auxiliar na maceração do meristema e espalhamento das células, sendo o material coberto com uma lamínula 18 x 18 mm.

Para retirada da lamínula, o conjunto lâmina/lamínula foi congelado em nitrogênio líquido por alguns minutos e, após o congelamento em nitrogênio líquido, as lamínulas foram retiradas com auxílio de um bisturi, deixando-se as lâminas para secar ao ar livre. Em seguida foi realizada a coloração com DAPI/glicerol para identificação das metáfases e seleção das melhores lâminas, com auxílio de um microscópio de fluorescência Leica DM 2000.

As melhores lâminas foram descoradas em fixador Carnoy e deixadas em câmara escura por três dias; depois desse período, foi realizada a coloração com CMA (0,5 mg/ml) e DAPI (2 µg/ml), sendo a montagem realizada em meio MacIlvaine (glicerol/McIlvaine/MgCl<sub>2</sub>).

As imagens das melhores células metafásicas foram capturadas com uma câmera Leica DFC 300 FX através do programa Leica QFish, acoplada a um microscópio de fluorescência Leica DM 2000.

## Análise Molecular

A análise com marcadores SSR foi realizada em quinze acessos de *Urochloa*: UmCO-1 (1), UmCO-2 (2), UmCO-4 (1), UmCO-5 (2), UmCO-6 (1), UmCO-7 (1), UmCO-8 (1), UmCO-9 (1), UmCO-10 (2), UmCO-11 (2), e UmCO-13 (2), UaCO-15 (1), UbCO-17 (1), UoCO-18 (1) e UspCO-23 (1) (Tabela 1).

O DNA genômico foi extraído utilizando 2g de material vegetal provenientes de folhas jovens coletadas na região apical das plantas, de acordo com o protocolo descrito por Doyle; Doyle (1990) com modificações.

Na primeira etapa: as folhas foram maceradas com nitrogênio líquido, o material macerado foi transferido para tubo falcon de 50 mL, e adicionado 10 mL de CTAB a 2% e 20 µL de β-mercaptoetanol, sendo posteriormente incubado por 30 minutos em banho-maria a 65°C invertendo a cada 10 minutos. Depois as amostras foram retiradas do banho-maria e adicionada 10 mL de clorofórmio-alcool isoamílico (24:1) homogeneizando bem; em seguida centrifugada a 7800 rpm por 5 min, onde as fases orgânicas e aquosas foram separadas; o sobrena-

dante foi coletado e transferido para tubo de ensaio anotando o volume aliquotado. Em seguida foi adicionado três vezes o volume de acetato de amônia-álcool (gelado) vedado com papel filme e levado para o *freezer* por 24 horas.

Na segunda etapa: os tubos de ensaio foram retirados do *freezer*, coletado o DNA formado transferindo para microtubos de 2 mL e centrifugados a 12000 rpm por 10 minutos; após a centrifugação, descartou-se o líquido, observando a existência do *pellet*; postos para secar por cerca de duas horas. Após a secagem, os ácidos nucleicos foram reidratados com água ultrapura, observando-se o volume adicionado e adiciona o mesmo volume de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1); em seguida centrifugado a 14000 rpm por 5 min, coletado o sobrenadante, transferido para microtubos de 2 mL, adicionado 3 vezes o volume aliquotado de álcool acetato de sódio e levado para o *freezer* por 24 horas.

Na terceira etapa: realizou-se uma nova centrifugação a 14000 rpm por 5 min, descartando o líquido, e observando a formação do *pellet*, em seguida ressuspendido o *pellet* em água ultrapura, aguardada uma hora em temperatura ambiente e por fim armazenada no *freezer*.

A integridade e a quantidade do DNA extraído foi determinado em espectrofotômetro (Nanodrop 1000; Thermo Scientific, Wilmington, EUA). Após a quantificação, o DNA dos genótipos foi diluído para solução de trabalho com concentração de 20ng/μL.

Para a reação da PCR foram utilizados 21 primers desenvolvidos para *Urochloa* (Tabela 2), utilizando a metodologia proposta por Souza et al. (2018). O volume final da reação foi de 25 μL, contendo: 2,5 μL de tampão (10x); 0,75 μL de MgCl<sub>2</sub> (50mM), 0,37 μL de dNTP (2,5 mM); 2 μL de cada primer (10mM); 0,2 μL de Taq DNA polimerase (1 U/μL); e 3 μL de DNA genômico (60 ng/μL), e o volume da reação foi completado para 25 μL com água ultrapura. Todas as amplificações foram realizadas em termociclador, Veriti 96 Well Thermal Cycler (Applied Biosystems).

Tabela 2. Sequência dos marcadores SSR utilizados no trabalho com *Urochloa* spp. e suas respectivas temperaturas de anelamento. Ta= temperatura de anelamento.

Marcadores SSR	Sequências	Ta °C	Autor
Br0100	F: CCATCTGCAATTATTCAGGAAA R: GTTCTTGGTGCTTGACCATT	57°	Namazzi et al., 2020
Br0156	F: GCCATGATGTTTCATTGGTT R: TTTTGCACCTTTCATTGCTT	52°	Namazzi et al., 2020
Br0203	F: CGCTTGAGAAGCTAGCAAGT R: TAGCCTTTTGCATGGGTTAG	60°	Namazzi et al., 2020
Br0214	F: TCTGGTGTCTCTTTGCTCCT R: TCCATGGTACCTGAATGACA	60°	Namazzi et al., 2020
Br3002	F: GCTGGAATCAGAATCGATGA R: GAACTGCAGTGGCTGATCTT	60°	Namazzi et al., 2020
Brz0130	F: TCCTTTCATGAACCCCTGTA R: CATCGCACGCTTATATGACA	52°	Silva et al., 2013
Brz0182	F: ACGTTATTGGACTTGGGTGA R: AGCCTGACCAAATTCTTGTG	60°	Silva et al., 2013
BbUNICAMP002	F: TCGCTCGTTTCATTCCTTTCAT R: CGCACGCTTATACGACAACATT	55°	Cançado, 2009
BbUNICAMP004	F: ACCCCGCTGCATACCCATAAT R: TTTTGGCCCCATCACTCTCTTTG	60°	Cançado, 2009
BhUNICAMP053	F: GAGTAAGCTTCTAGGACAGGAT R: GCTCAAACAACCTCGATAATAAC	55°	Vigna et al., 2011
BhUNICAMP055	F: GGAAAAAGAAAAGCGGACTGAA R: CGCAAAAATAAATGGCAATGGA	60°	Vigna et al., 2011
BhUNICAMP075	F: TGAATGCTTTTGTCTGCTGATC R: ACGTGCAGCAGCAACAGTA	60°	Santos et al., 2015
BhUNICAMP102	F: TGGTGGGCTCCACTATCTCT R: TCCGCCATCTCTCTCTCTCT	57°	Santos et al., 2015
Dec48	F: CTAACGCTATTGCTTTGCTT R: TGCAGAGAGAGAGAAGAGAGA	60°	Ferreira et a., 2016
Dec118	F: ACACACCCCAACTCACACAA R: TGGTCATGGCAAAAGATGAA	60°	Ferreira et a., 2016
DecSSR202	F: CTGCTTCTTATAGATCCGACCAC R: TCTTTAGGAGAGGGATCGAGATT	55°	Souza et al., 2018
DecSSR203	F: GTGATGACGGATGCGGTT R: ACTATCCGACTTCGCCCCAC	60°	Souza et al., 2018
DecSSR218	F: TATCTCTATCTGGGGATTGGAGC R: AAACAAAACCAAATCGCGG	55°	Souza et al., 2018
DecSSR221	F: ATCGACACTACTCTCGGCATAAC R: GTATGTGGTGGAGGTAGTTGGG	55°	Souza et al., 2018
DecSSR211	F: GTATTAATTCACTGGGTGTCGCT R: CCATCACCTCCATCATAGGC	55°	Souza et al., 2018
DecSSR246	F: CGTCTTGGAGGAGGATGAAG R: GGACCTGGATGTCCGCAT	60°	Souza et al., 2018

O programa de amplificação por PCR utilizado consistiu em uma etapa inicial de desnaturação de 94°C durante 5 minutos, seguido de 30 ciclos de amplificação de 94°C (1 min), 60° C (1 min), 72° C (1min) e extensão final a 72°C por 15 min, sendo as amostras mantidas a 4°C.

Após as amplificações, os produtos foram levados à eletroforese horizontal em gel de agarose, para observar se as amplificações funcionaram antes de aplicar no gel de poliacrilamida, a 1,5% corados com brometo de etídeo, utilizando o tampão TBE (Tris/Borato/EDTA) na concentração de 0,5%, durante 2 horas e 30 minutos a 100W. Os resultados das amplificações foram visualizados sobre luz ultravioleta e registrado em foto documentador (Loccus Biotecnologia).

Depois, os produtos de amplificação foram separados em gel de poliacrilamida a 6% (acrilamida/bisacrilamida (19:1), 7,5 M de ureia e tampão TBE 5x), preparado em placa de vidro tipo sanduíche com capacidade para 63 poços. As placas de vidro foram limpas com um lenço de papel embebido com etanol. A placa grande (de adesão do gel) foi tratada com 1,1 mL de uma solução contendo 95% de Etanol + 0,5% de Ácido Acético e um  $\mu\text{L}$  de Bind silane (Bioscience). Essa solução foi espalhada em toda a superfície da placa com um lenço de papel, enquanto ocorria a secagem da solução (3 min).

A placa pequena (repulsão do gel) foi tratada de acordo como descrito anteriormente, porém, substituindo-se a solução contendo Bind silane por um produto usado para a limpeza de vidros de automóveis. As placas foram postas uma sobre a outra, contendo os espaçadores laterais e de fundo (espessura de 3 mm) e presas com prendedor de papel.

Após aplicar o gel no sistema sanduíche, foram colocados os pentes também presos por prendedores de papel maiores. Após a polimerização do gel (aproximadamente uma hora), antes da aplicação do produto da PCR, as placas foram aquecidas em uma pré-corrida de 1 hora a 45 W. Foram aplicados 2,0 $\mu\text{L}$  da reação de PCR desnaturada no gel de poliacrilamida a 6%, sendo a corrida de eletroforese realizada por um período de aproximadamente três horas, com potência constante de 45 W.

O marcador de peso molecular “Ladder” 100 pb a 2000pb foi carregado na extremidade lateral de cada gel. Os géis foram corados com nitrato de prata, conforme procedimento proposto por Benbouza et al. (2006): 1) a placa contendo o gel foi imersa em solução de fixação contendo: 1.790 mL de água destilada + 200 mL de etanol absoluto 10% e 10 mL de ácido acético 1%, por 5 min; 2) a impregnação do gel foi realizada com solução de nitrato de prata 0,2% contendo: 2.000 mL de água destilada + 3g de nitrato de prata e 2 mL de formaldeído, durante 6-7 min, seguida de uma lavagem de 10s com água destilada (2.000 mL); 3) o gel foi imerso em solução de revelação, contendo: 2.000 mL de água destilada + 30 g de hidróxido de sódio, e 3 mL de formaldeído, até o aparecimento das bandas, aproximadamente três minutos, porém a depender da quantidade de vezes que a solução foi usada esse tempo se estendeu até oito minutos; 4) e por fim um nova lavagem do gel foi realizada com a solução de

parada de revelação contendo: 1.790 mL de água destilada + 200 mL de álcool etílico absoluto e 10 mL de ácido acético, por três minutos.

Todas as etapas de revelação foram realizadas sob leve agitação, em um agitador de Erlenmeyer, do qual foram removidos os suportes que prendiam o recipiente. A placa contendo o gel corado foi colocado em posição vertical até a secagem em temperatura ambiente, para posterior identificação, e análise dos fragmentos, enquanto que o registro das ampliações no gel foi realizada por meio de digitalização em scanner Epson GT-15000.

Os dados obtidos pelos marcadores microssatélites foram codificados para homozigoto dominante (1.1), heterozigoto (1.2) e homozigoto recessivo (2.2), com base na altura dos alelos, para estimar as relações genéticas entre os acessos de *Urochloa*, com dendrograma construído pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). O ajuste do dendrograma foi avaliado pela correlação cofenética, ou seja, a correlação entre a distância real e as distâncias representadas graficamente, utilizando o software NTSYSpc (ROHLF 2000). Além disso, foram estimados os parâmetros para os 21 marcadores SSR utilizando o software CERVUS.

## **Resultado e Discussão**

### Análise Citogenética

A Tabela 3 apresenta os números cromossômicos dos 13 acessos de *Urochloa* avaliados. Foi possível observar oito acessos diploides com  $2n=14$  e cinco acessos tetraploides com  $2n=28$ , sendo esses últimos quase todos pertencentes à espécie *U. mosambicensis*, com exceção de um acesso cuja espécie ainda não foi identificada.

Tabela 3. Número cromossômicos de acessos de *Urochloa* analisados em metáfases mitóticas.

Acessos	Espécie	Número cromossômico (2n)
UaCO-15 (1)	<i>U. advena</i> (Vickery) R.D.Webster	14
UbCO-17 (1)	<i>U. brachyura</i> (Hack. ex Schinz) Stapf	14
UmCO-11 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	14
UmCO-2 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	28
UmCO-10 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	28
UmCO-7 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	14
UmCO-6 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	14
UmCO-1 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	14
UmCO-13 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	28
UmCO-5 (2)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	28
UmCO-4 (1)	<i>U. mosambicensis</i> (Hack.) Dandy	14
UoCO-18 (1)	<i>U. oligotricha</i> (Fig. & De Not.) Henrard.	14
UspCO-23 (1)	<i>Urochloa</i> sp.	28

A maioria dos estudos citogenéticos realizados em espécies do gênero *Urochloa* apontam  $x=9$  como número cromossômico básico, embora haja relatos de números secundários como  $x=8$ , 7 e 6 (de WET, 1986; BERNINI; MARIN-MORALES, 2001; BASAPPA et al., 1987; RISSO-PASCOTTO et al., 2006; BOLDRINI et al., 2009; WORTHINGTON et al., 2019).

Os números cromossômicos no gênero *Urochloa* se distribuem de  $2n=14$  a  $2n=90$  cromossomos, com variações intraespecíficas e tendência a tetraploidia para a maioria das espécies analisadas (VALLE et al., 2009; CORREA et al., 2020). Mendes-Bonato et al. (2002), por exemplo, ao analisarem o número cromossômico em *U. brizantha*, observaram que dos 22 acessos avaliados, 18 acessos apresentaram-se como tetraploides ( $2n=4x=36$ ), três hexaploides ( $2n=6x=54$ ) e um diploide ( $2n=2x=18$ ). Risso-Pascotto et al. (2006), por sua vez, ao analisarem o número cromossômico em *U. dictyoneura*, observaram que todos os acessos apresentavam  $2n=4x=24$  cromossomos. Ricci et al. (2011) ao analisarem o número de cromossomos em 44 acessos de *U. decumbens* observaram que 15 acessos apresentaram  $2n=18$ , 27 acessos com  $2n=36$ , e 2 acessos com  $2n=45$  cromossomos. Mendes (2020); Corrêa et al. (2020) confirmaram  $2n=2x=18$  para *U. brizantha* e *U. decumbens*. Tomaszewska et al. (2023), por outro lado, ao analisarem 356 acessos de *Urochloa* por citometria de fluxo, determinaram 78 acessos como diploides, 195 como tetraploides, 25 como pentaploides, 20 co-

mo hexaploides, 34 heptaploides, 1 octaploide, e 3 eneaploides, confirmando a extensa variabilidade de níveis de ploidia no gênero.

Com relação aos acessos analisados no presente estudo, foram observados cariótipos diploides com  $2n=14$  em *U. mosambicensis*, *U. oligotricha*, *U. advena*, e *U. brachyura*, e tetraploide com  $2n=28$  em *U. mosambicensis* e *Urochloa* sp., indicando  $x=7$  como provável número básico original para as espécies analisadas (Tabela 3). Registros da variabilidade cariográfica numérica em *U. mosambicensis* podem ser encontrados na descrição de citotipos diploides com  $2n=14$  em materiais estudados da África do Sul (SPIES et al., 1991), e em alguns relatos com  $2n=28$  publicados por Nath et al., 1970; Murthy; Basavaiah, 1990; e Spies et al., 1991. No entanto, de Wet; Anderson (1956) e Moeffett; Hurcombe (1949), ao investigarem o número de cromossomos de diversas espécies de gramíneas ocorrentes na África do Sul, já haviam relatado indivíduos triploides ( $2n=3x=30$ ) e hexaploides ( $2n=6x=42$ ) para *U. mosambicensis*, respectivamente, o que reforça a extensa variabilidade cromossômica numérica dessa espécie.

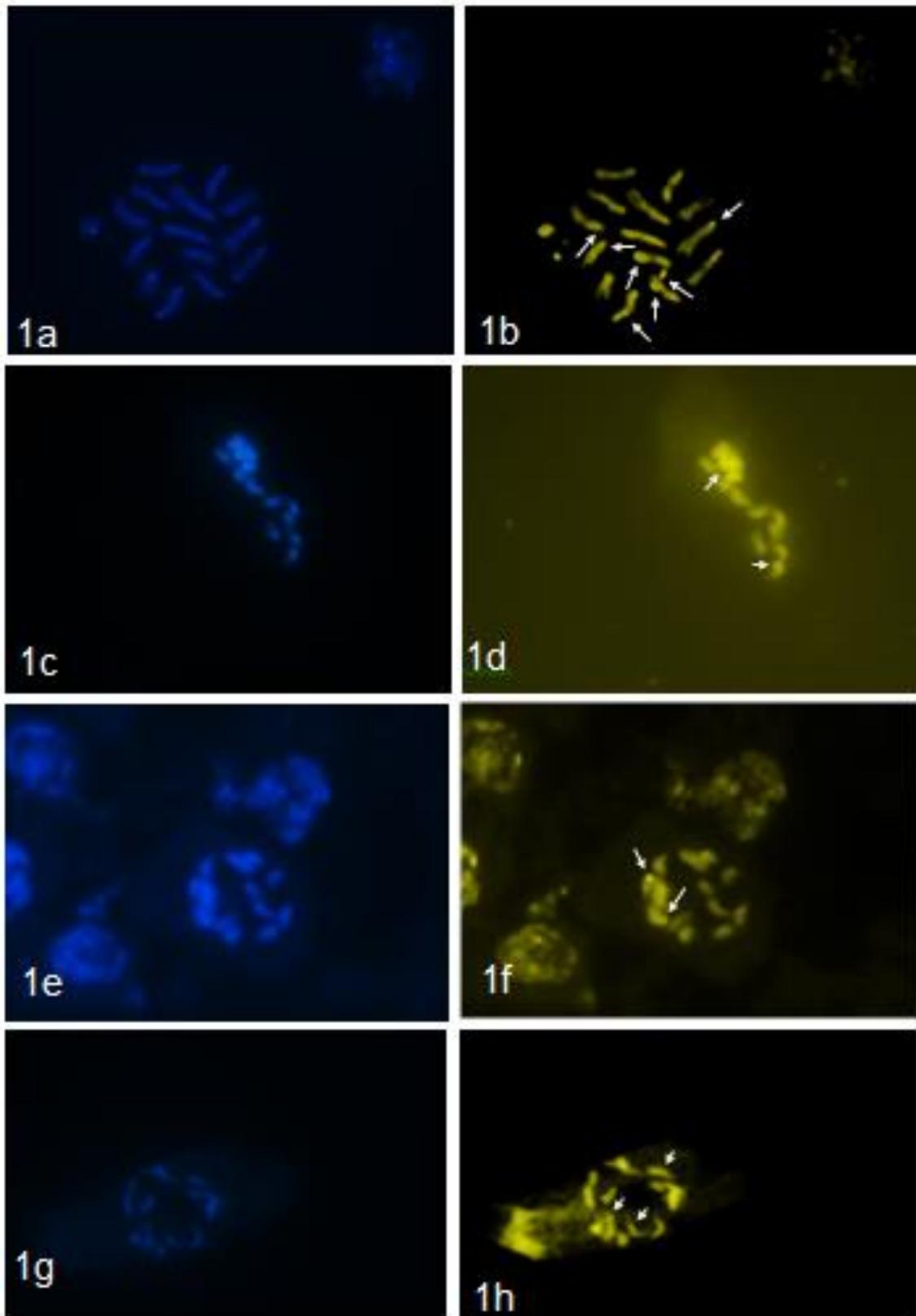
Por outro lado, do ponto de vista morfoagronômico, os acessos tetraploides de *U. mosambicensis* UmCO-2 (2) e UmCO-13 (2) apresentam algumas vantagens em relação aos acessos diploides. Por exemplo, Martins et al. (2023) e Bueno et al. (2019) verificaram que esses acessos apresentaram características promissoras para produção de forragem, como alta intensidade de perfilhamento, boa cobertura do solo, floração intermediária e potencial para a produtividade de biomassa, aspectos indicadores de qualidade de forragem. Enquanto que, o acesso diploide de *U. mosambicensis* UmCO-7 (1) apresentou alta produção de inflorescências, o que pode estar diretamente relacionado com produção de sementes (MARTINS et al., 2023).

O acesso de *U. oligotricha* investigado no presente trabalho apresentou um citotipo diploide com  $2n=14$  cromossomos; entretanto, Murthy; Basavaiah (1990) avaliando o número de cromossomos de cinco espécies de *Urochloa*, relataram para *U. oligotricha*  $2n=36$ . Essa variação de números cromossômicos na espécie pode estar relacionada a eventos de disploidia ou aneuploidia associados a processos de hibridização interespecífica no gênero. Segundo Rathore et al. (2022), os citotipos aneuploide e poliploide são amplamente distribuídos em gramíneas forrageiras tropicais. Por fim, o número cromossômico  $2n=14$  de *U. advena* é relatado aqui pela primeira vez, confirmando  $x=7$  como importante número básico para o gênero.

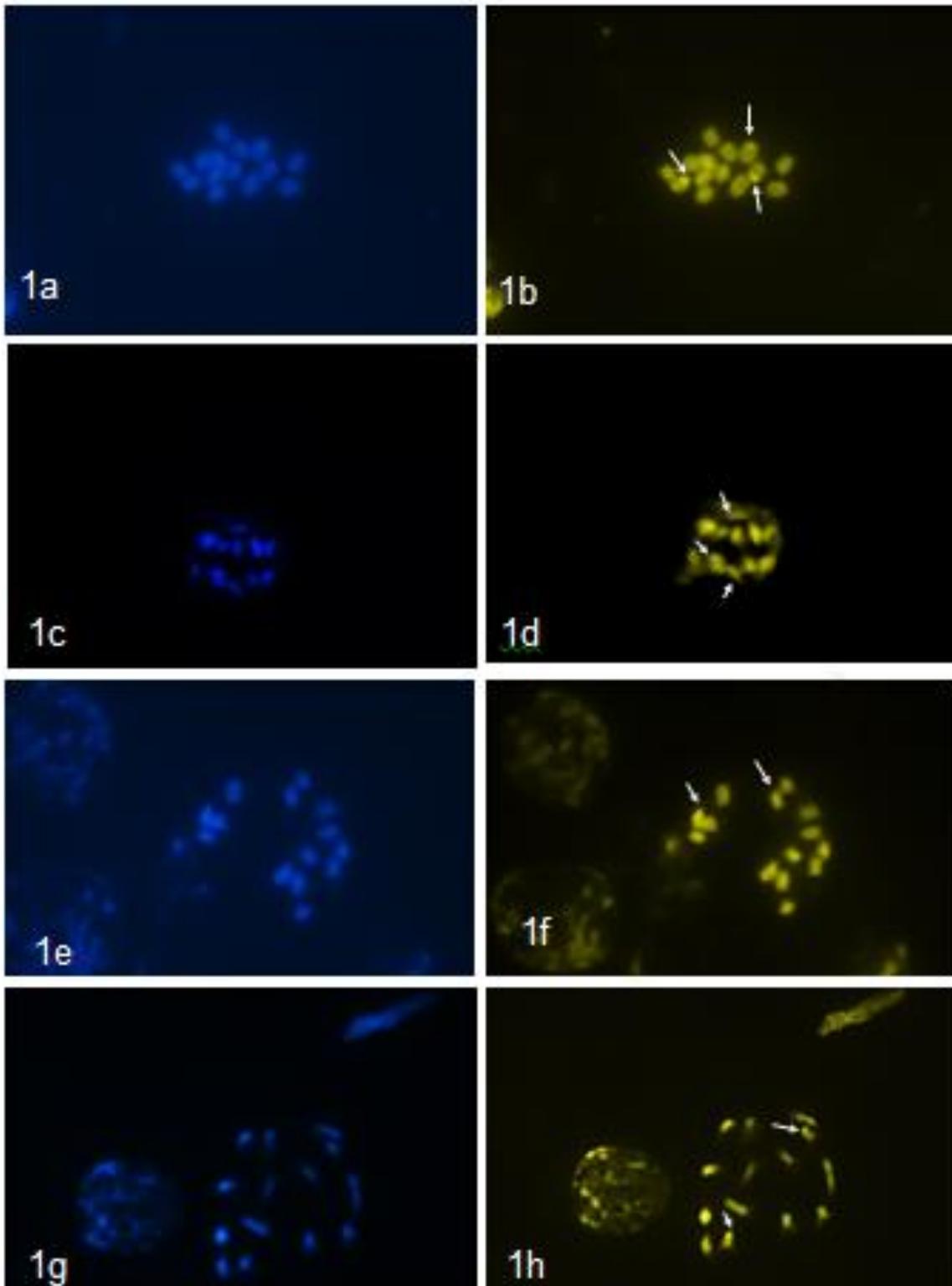
A coloração com CMA/DAPI revelou a presença de regiões heterocromáticas ricas em CG em todos os acessos. A distribuição dessas regiões nos cariótipos das espécies de *Urochloa* mostrou que os blocos estavam localizados na região terminal e pericentromérica de

vários cromossomos. De uma maneira geral, nos acessos diploides foram observados de dois a sete blocos CMA+ (Figuras 1a e 1b), enquanto nos acessos tetraploides esse número variou de três a seis blocos (Figuras 2a e 2b).

Nos acessos diploides UmCO-6 (1) e UmCO-1 (1) de *U. mosambicensis* (Figura 1a), foi possível observar a presença de dois blocos CMA+ nas regiões terminais dos cromossomos. No acesso diploide UmCO-11 (2) de *U. mosambicensis* foi possível observar a presença de sete blocos CMA+, sendo quatro localizados na região subterminal e três na região pericentromérica dos cromossomos (Figura 1a). Já no acesso UbCO-17 (1) de *U. brachyura* observaram-se dois blocos CMA+ subterminais e um bloco na região pericentromérica (Figura 1a). Nos acessos UoCO-18 (1) de *U. oligotricha* e UaCO-15 (1) de *U. advena* foram observados a presença de três blocos subterminais CMA+ (Figura 1b). Já nos acessos UmCO-4 (1) e UmCO-7 (1) foram observados dois blocos CMA+ na região subterminal (Figura 1b).

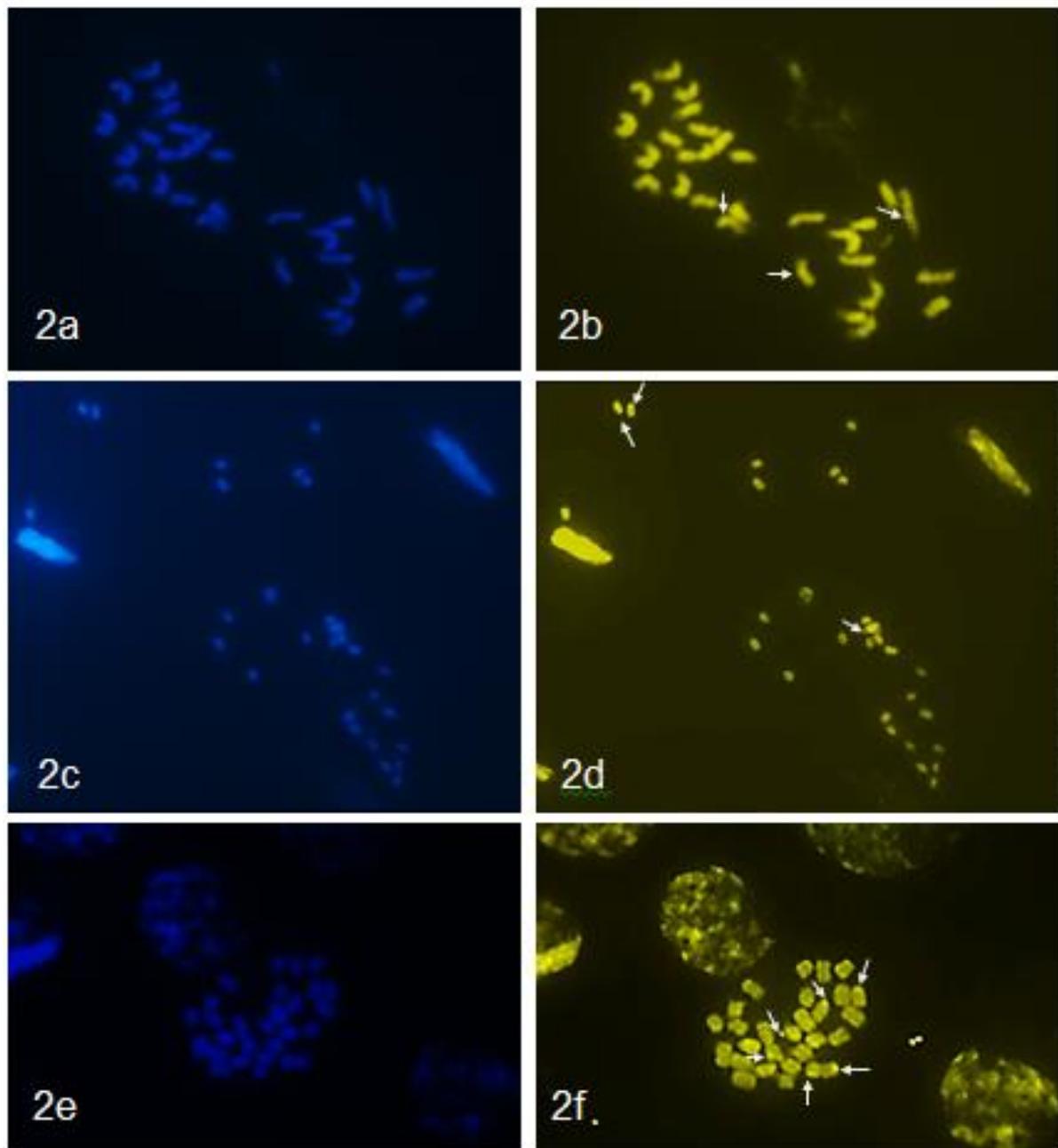


**Figura 1a.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos diploides de *Urochloa*, com  $2n=14$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UmCO-11 (2): 1a (DAPI) e 1b (CMA); Acesso UmCO-6 (1): 1c (DAPI) e 1d (CMA); Acesso UmCO-1 (1): 1e (DAPI) e 1f (CMA); Acesso UbCO-17 (1): 1g (DAPI) e 1h (CMA).

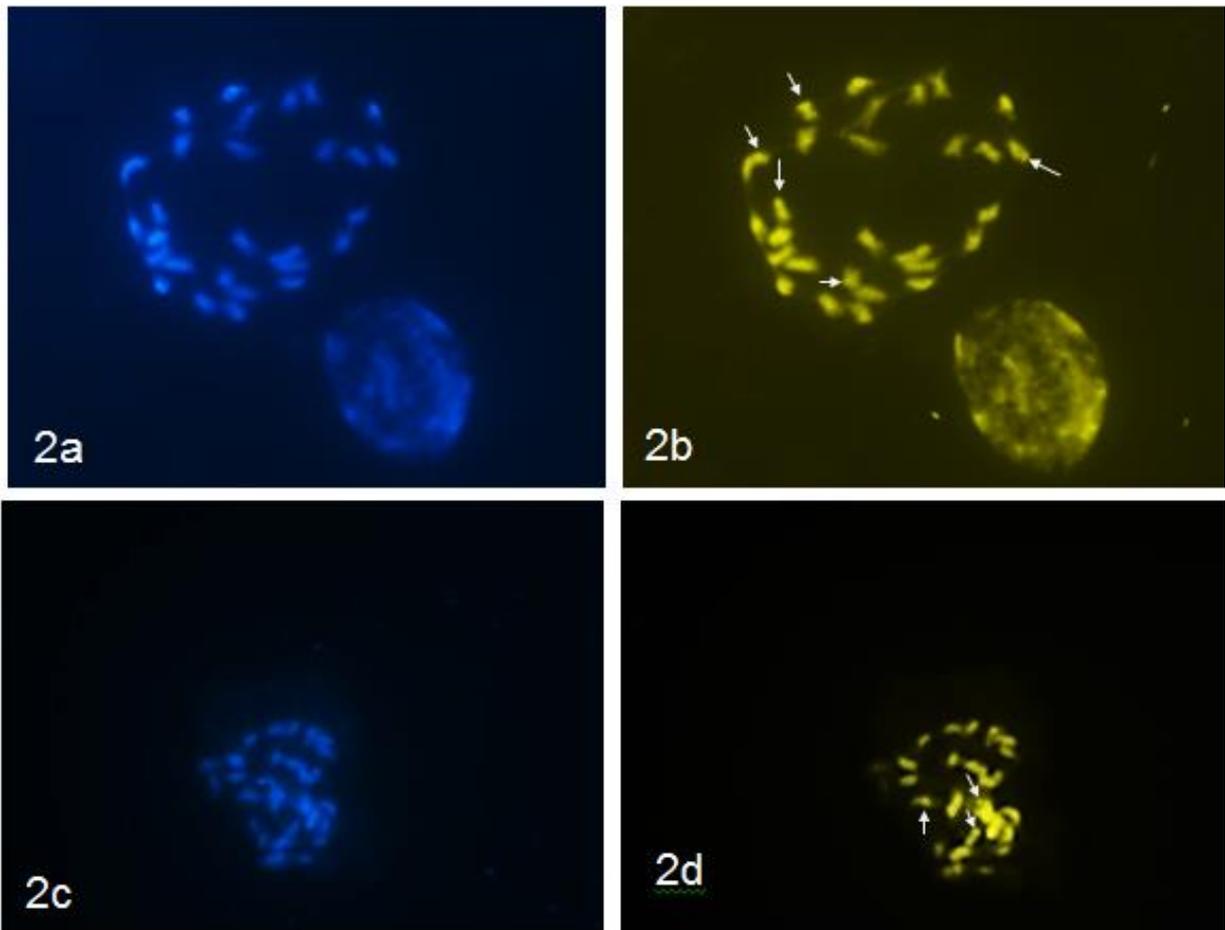


**Figura 1b.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos diploides de *Urochloa*, com  $2n=14$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UoCO-18 (1): 1a (DAPI) e 1b (CMA); Acesso UaCO-15 (1): 1c (DAPI) e 1d (CMA); Acesso UmCO-4 (1): 1e (DAPI) e 1f (CMA); Acesso UmCO-7 (1): 1g (DAPI) e 1h (CMA).

Para o acesso tetraploide UmCO-2 (2) de *U. mosambicensis* foram observados três blocos CMA+ localizados na região pericentroméricas (Figura 2a). Nos demais acessos foram observados blocos CMA+ nas regiões subterminais, sendo três blocos nos acessos UmCO-10 (2), e seis blocos no acesso UmCO-5 (2) (Figura 2a). Já no acesso UmCO-13 (2) foram observados três blocos CMA+ localizados na região subterminal dos cromossomos e dois blocos pericentroméricos. No acesso UspCO-23 (1) foi possível observar a presença de três blocos CMA+ localizados na região subterminal dos cromossomos (Figura 2b).



**Figura 2a.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos tetraploides de *Urochloa*, com  $2n=28$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UmCO-2 (2): 2a (DAPI) e 2b (CMA); Acesso UmCO-10 (2): 2c (DAPI) e 2d (CMA); Acesso UmCO-5 (2): 2e (DAPI) e 2f (CMA).



**Figura 2b.** Dupla coloração com CMA/DAPI em metáfases mitóticas em acessos tetraploides de *Urochloa*, com  $2n=28$  cromossomos. Setas indicam presença de CMA+. Acesso UmCO-13 (2): 2a (DAPI) e 2b (CMA); Acesso UspCO-23 (1): 2c (DAPI) e 2d (CMA).

A variabilidade no padrão de número e posição da heterocromatina dos blocos de CMA+ observados no presente trabalho é compatível com os relatos de outros estudos para espécies do gênero *Urochloa*. Nani et al. (2016), por exemplo ao analisarem o cariótipo de três espécies *Urochloa* observaram a presença de duas a quatro bandas na região terminal dos cromossomos. Esse mesmo padrão de distribuição do número e posição de bandas de CMA+ foi encontrado por de Campos Moraes et al. (2019) ao descrever aneuploidias em híbridos interespecíficos entre *U. ruziziensis* e *U. decumbens*, e por Brandão (2015), ao estudar cariológicamente onze acessos de *Cenchrus ciliaries*. Essa variabilidade da heterocromatina, segundo de Campos Moraes et al. (2019), é frequente nos cromossomos de *Urochloa*, o que pode ser observado no padrão descondensação tardia nas regiões terminais.

A variação numérica da heterocromatina CMA+ entre os acessos corrobora a importância das prováveis hibridações e posteriores rearranjos cromossômicos na evolução cromossômica das espécies do gênero (TOMASZEWSKA et al., 2023).

### Análise Molecular

Dos 21 marcadores avaliados, 15 foram polimórficos, apresentando 71,42% de polimorfismo. Observaram-se um total de 39 alelos, com uma média de 1,85 alelos por *locus* amplificado, distribuídos entre os 15 acessos de *Urochloa* (Tabela 4).

Dos 15 marcadores avaliados, 12 amplificaram dois alelos (BhUNICAMP055, Br0203, Br3002, Br0214, DecSSR203, BhUNICAMP053, BbUNICAMP004, DecSSR218, Br0156, Dec48, BhUNICAMP102 e Br0100), enquanto os *loci* Brz0130, Brz0182 e BbUNICAMP002 apresentaram a maior diversidade alélica, com três alelos por *locus* (Tabela 4). Quanto à frequência alélica, os marcadores BbUNICAMP004 e BhUNICAMP053, mostraram uma frequência alta de 0,933 (Tabela 4).

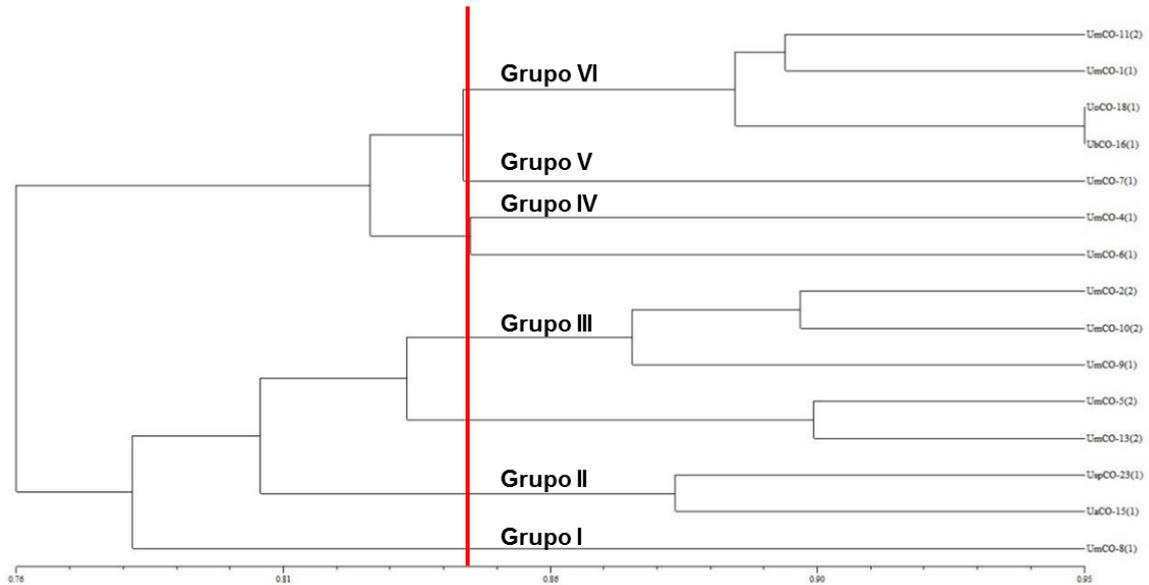
Tabela 4. Número de alelos, frequência e conteúdo de informação do polimorfismo dos 15 SSR *loci* analisados em 15 acessos de *Urochloa* spp.

Primers	Nº de alelos	Frequência dos alelos	PIC
BhUNICAMP055	2	0,700; 0,300	0,332
Br0203	2	0,500; 0,500	0,375
Br3002	2	0,633; 0,366	0,357
Br0214	2	0,233; 0,766	0,294
DecSSR203	2	0,733; 0,266	0,315
Brz0130	3	0,533; 0,200; 0,266	0,536
BbUNICAMP004	2	0,933; 0,066	0,117
BhUNICAMP053	2	0,933; 0,066	0,117
DecSSR218	2	0,633; 0,366	0,357
Brz0182	3	0,433; 0,133; 0,433	0,523
BbUNICAMP002	3	0,392; 0,357; 0,250	0,581
Br0156	2	0,375; 0,625	0,359
Dec48	2	0,538; 0,461	0,374
BhUNICAMP102	2	0,400; 0,600	0,365
Br0100	2	0,533; 0,466	0,374

Os valores de conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) apresentaram bons padrões de amplificação, variando de 0,117 para o primer BhUNICAMP053 a 0,581 para BbUNICAMP002, com valor médio de 0,358 (Tabela 4). Os valores de PIC para os marcadores SSR avaliados no presente estudo foram superiores em comparação ao estudo realizado por Kandel et al. (2016); Leão et al. (2023) e semelhantes a alguns marcadores SSR usados para acessar a diversidade genética de outras espécies do gênero *Urochloa* (VIGNA et al., 2011; TEGEGN et al., 2019).

De acordo com Bolstein et al. (1980); Serrote et al., (2020), os marcadores com PIC superior a 0,50 são considerados muito informativos, os com valores entre 0,25 e 0,50 são medianamente informativos, enquanto aqueles com valores inferiores a 0,25 são considerados pouco informativos. Os valores obtidos indicam que os marcadores SSR utilizados podem ser considerados de medianamente a muito informativos, permitindo diferenciar os genótipos de *Urochloa*. De modo geral, 20% do conteúdo de informação polimórfica obtido para os primers foram considerados muito informativos, 66,67% medianamente informativos e 13,33% apresentaram-se de pouco informativos.

Tendo como base o dendrograma gerado pelo método UPGMA, foi possível reunir os 15 acessos de *Urochloa* em seis grupos (Figura 3): o grupo I foi formado pelo acesso UmCO-8 (1), o grupo II com dois acessos, UspCO-23 (1) e UaCO-15 (1), o grupo III pelos acessos UmCO-2 (2), UmCO-10 (2), UmCO-9 (1), UmCO-5 (2) e UmCO-13 (2), o grupo IV com dois acessos UmCO-4 (1) e UmCO-6 (1), o grupo V formado pelo acesso UmCO-7 (1) e no grupo VI pelos acessos UmCO-11 (2), UmCO-1 (1), UoCO-18 (1) e UbCO-16 (1), com valores variando de 0,06 entre os acessos UoCO-18(1) e UbCO-16(1), a 0,43 entre os acessos UmCO-8(1) e UmCO-11(2). Para o coeficiente de correlação cofenética foi observado o valor de 0,74 indicando que a representação gráfica das distâncias genéticas entre os acessos é confiável e representa de maneira satisfatória a matriz de dados.



**Figura 3.** Dendrograma representativo da divergência genética entre 15 acessos de *Urochloa* spp. obtido pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), utilizando o complemento aritmético do índice de Jaccard como medida de dissimilaridade, com base em marcadores SSR (Simple Sequence Repeats). Valor do coeficiente cofenético = 0,74.

Com base na formação dos grupos, é possível observar que o nível de ploidia aparentemente influencia na sua formação, visto que a maioria dos grupos teve os acessos reunidos segundo a ploidia dos indivíduos. Os acessos UmCO-7 (1) e UmCO-8 (1) ficaram isolados, sugerindo que esses genótipos apresentam maior divergência genética dos demais acessos avaliados. Além disso, estes acessos apresentam diferentes níveis de ploidia (diploide e tetraploide), e procedências distintas (Zimbabwe e South África).

Ainda observando o dendrograma da Figura 3, o grupo III reuniu o maior número de acessos, composto por cinco acessos tetraploides de origens distintas (South África, Zimbabwe), todos pertencentes a espécie *U. mosambicensis* (Hack.) Dandy.

Já o grupo IV foi formado com dois acessos diploides pertencentes a *U. mosambicensis*, UmCO-4 (1) e UmCO-6 (1), com diferentes origens, Zambia, Zimbabwe, respectivamente. Em relação ao grupo VI, este foi formado por três espécies (*U. mosambicensis*, *U. oligotricha*, e *U. brachyura*), representadas pelos acessos UmCO-11 (2), UmCO-1 (1), UmCO-18 (1), UmCO-16 (1), apresentando o mesmo nível de ploidia (diploides) e origens distintas (South Africa, Zambia e Zimbabwe), sendo que os acessos UmCO-18(1) e UmCO-16(1) foram os mais similares.

A única exceção foi ao grupo II, o qual observou-se que os acessos que o compõem apresentam ploidias diferentes (tetraploide e diploide), conhecendo-se apenas uma das origens (Lesotho).

Relatos semelhantes entre espécies do gênero *Urochloa* foram encontrados por outros autores que, ao avaliarem a dissimilaridade genética entre genótipos, observaram que as espécies foram agrupadas de acordo com seu nível de ploidia (AMBIEL et al., 2010; AZEVEDO et al., 2011; NITTHAISONG et al., 2016). Esses resultados reforçam a teoria de que o nível de ploidia no genoma das espécies do gênero *Urochloa* seja fator determinante como componente de agrupamento dos indivíduos.

Com relação ao local de origem dos genótipos, esses são relativamente próximos, apesar de ter tido menor influência no agrupamento, podendo-se inferir que a proximidade entre eles pode ter uma parcela de influência durante o agrupamento. Alguns dos fatores que podem justificar que o local de origem também contribuiu durante o agrupamento dos acessos é fluxo gênico via sementes (menos importante no caso de materiais apomíticos) ou o mesmo padrão de seleção. Segundo Paniago; Valle (2016), esse fluxo pode ser movido por mecanismos de dispersão naturais, como água, vento, animais ou ações humanas.

Entre esses mecanismos, estão as atividades agrícolas que atravessam as fronteiras entre os locais de origens dos genótipos onde as sementes são disseminadas através de vendas para outros agricultores e organizações, bem como o compartilhamento e trocas de sementes (CHAKOMA; CHUMMUN, 2019; MWENDIA ET al., 2023).

O presente estudo também indica que a variabilidade do capim *Urochloa* não está uniformemente distribuída e que os marcadores empregados na determinação da divergência genética dos genótipos avaliados mostraram-se eficazes na distinção dos diferentes acessos estudados.

## **Conclusão**

A análise citogenética confirma a variabilidade cromossômica numérica entre os acessos de *Urochloa*, permitindo identificar citotipos diploides e tetraploides e  $x = 7$  como importante número cromossômico básico para o gênero.

A coloração cromossômica com fluorocromos CMA/DAPI demonstra uma considerável variabilidade na quantidade e distribuição de regiões cromossômicas heterocromáticas indicando a existência de variabilidade cromossômica estrutural entre os acessos.

Os marcadores moleculares foram eficientes em captar a diversidade genética existente, a nível molecular, entre os acessos de *Urochloa*, bem como na indicação da possibilidade

de utilização desses acessos como doadores de pólen dentro dos programas de melhoramento genético da espécie. Além disso, as análises indicam a necessidade de coleta de um maior número de genótipos em diferentes locais para ampliação da diversidade genética da espécie.

## Referências

ABD EL-FATTAH, B. E. S.; HARIDY, A.G.; ABBAS, H. S. Response to planting date, stress tolerance and genetic diversity analysis among okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench.) varieties. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.67, p. 831851, 2020.

ABIEC. Estatísticas: mercado mundial. Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes. Disponível em: <<https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2023/>> Acesso em: 10 mar. 2024.

ALCANTARA, P.B. Origem das braquiárias e suas características morfológicas de interesse forrageiro. In: ENCONTRO SOBRE CAPINS DO GÊNERO BRACHIARIA, 1986, Nova Odessa, SP. Anais... Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1987. p.1-18.

AMBIEL, A. C. et al. *Brachiaria* germplasm dissimilarity as shown by RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.10, p.55–64, 2010. <https://doi.org/10.12702/1984-7033.v10n01a08>

AZEVEDO, A. L. S.; COSTA, P. P.; MACHADO, M. A. et al. High degree of genetic diversity among genotypes of the forage grass *Brachiaria ruziziensis* (Poaceae) detected with ISSR markers. **Genetics and Molecular Research**. v.10, p.3530–3538, 2011. <https://doi.org/10.4238/2011>

BASAPPA, G. P.; MUNIYAMMA, M.; CHINNAPPA, C. C. An investigation of chromosome numbers in the genus *Brachiaria* (Poaceae, Paniceae) in relation to morphology and taxonomy. **Canadian Journal of Botany**. v. 65, p. 2297–2309, 1987.

BENBOUZA, H.; JACQUEMIN, J. M.; BAUDOIN, J. P.; MERGE, G. Optimization of a reliable, fast, cheap and sensitive silver staining method to detect SSR markers in polyacrylamide gels. **Biotechnology, Agronomy and Society and Environment**. v. 10, n. 2, p. 77 – 81, 2006.

BERNINI, C, MARIN-MORALES, M. A. Karyotype analysis in *Brachiaria* (Poaceae) species. **Cytobios**. v.104, p.157–171, 2001.

BOLDRINI, K. R; PAGLIARINI, M. S, VALLE, C. B. Meiotic behavior of a nonaploid accession endorses  $x=6$  for *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **Genetics and Molecular Research**. v. 8, p.1444–1450, 2009.

BOLSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. W. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **American Journal of Human Genetics**, v.32, p.314-331, 1980.

BRANDÃO, L. P. **Caracterização molecular e citogenética de acessos de capim buffel** (*Cenchrus ciliaris* L.). 2015. 67 f. Tese de (Doutorado) - Universidade Federal do Recôncavo

da Bahia, Programa de Pós-Graduação em em Ciências Agrárias, Área de concentração em Fitotecnia. Cruz das Almas, 2015.

BUENO, L. G. et al., Capim-urocloa, alternativa para região semiárida. In: Santos MVF dos, Neiva JNM (eds) **Culturas Forrageiras no Brasil: uso e perspectivas**, Suprema Gráfica, Visconde do Rio Branco, 2022. cap. 7, p. 170-196.

BUENO, L. G.; BUENO, L. G.; ALVES, M. M. de A.; ROCHA, J. E. da S.; CAVALCANTE, A. C. R.; GALVANI, D. B.; DINIZ, F. M.; VALLE, C. B. do; CÂNDIDO, M. J. D. **Caracterização morfológica de *Urochloa mosambicensis* para seleção de genótipos elite em programa de melhoramento de forrageiras**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2019. (Embrapa Caprinos e Ovinos. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 11).

CARVALHO, J. D. et al. Características estruturais do capim-corrente (*Urochloa mosambicensis*) submetido a diferentes manejos de corte. In: II Simpósio de Produção Animal da UFRPE-UAST. 2018, Serra Talhada. **Anais...** Serra Talhada: UFRPE, 2018.

CHAKOMA, I.; CHUMMUN, B. Z. Análise da cadeia de valor de sementes forrageiras em uma região subúmida do Zimbábue: perspectivas de pequenos produtores. **African Journal of Range & Forage Science**, v. 36, n. 2, p. 95-104, 2019. <https://doi.org/10.2989/10220119.2018.1546229>

CORRÊA, C. T. R.; BONETTI, N. G. Z.; BARRIOS, S. C. L. et al. GISH-based comparative genomic analysis in *Urochloa* P. Beauv. **Molecular Biology Reports**. v.47, p. 887–896, 2020. <https://doi.org/10.1007/s11033-019-05179-7>

de CAMPOS MORAES, I., de CAMPOS RUME, G., SOUZA SOBRINHO, F. et al. Characterization of aneuploidy in interspecific hybrid between *Urochloa ruziziensis* (R. Germ. & Evrard) Crins and *Urochloa decumbens* (Stapf) R. D. Webster. **Molecular Biology Reports**. v.46, p.1931–1940, 2019. <https://doi.org/10.1007/s11033-019-04643-8>

de WET, J. M. J. Hybridization and polyploidy in the Poaceae. In: SODERSTROM, T. R.; HILU, T. R.; CAMPBELL, W. H.; BARKWORTH, M. E. (eds) **Grass systematics and evolution**. Washington, DC, USA: Smithsonian Institution Press, p. 179–187, 1986.

de WET, J. M. J.; ANDERSON, L. J. Chromosome numbers in Transvaal grasses. **Cytologia**, v. 21, n. 1, p. 1-10, 1956.

DISTEL, R. A. et al. Designing diverse agricultural pastures for improving ruminant production systems. **Frontiers in Sustainable Food Systems**. v. 4, p. 596869, 2020.

DOYLE, I. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant from fresh tissue. **Focus**. v. 12, n. 1, p.13-15, 1990.

FERREIRA, R. C. U.; MORAES, A. C. L.; CHIARI, L.; SIMEÃO, R. M. et al. An Overview of the Genetics and Genomics of the *Urochloa* Species Most Commonly Used in Pastures. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 770461, 2021. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.770461>

GAUER, L.; CAVALLI-MOLINA, S. Apomixia: um método alternativo para a produção de sementes em plantas. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**. v.6, n.1, p.157-170, 2000.

GONÇALVES, M. B. et al. Produção de forragem e eficiência no uso do nitrogênio em Capim-corrente. **Caderno Ciências Agrárias**, v.14, p.01–09, 2022.

GUERRA, M. S.; SOUZA, M. J. Como Observar os Cromossomos: Um Guia de Técnicas em Citogenética Vegetal. Animal e Humana. In: GUERRA, M.; SOUZA, M. J. (eds.) **Como analisar os cromossomos mitóticos**. FUNPEC. São Paulo. pp.23-38, 2002.

KANDEL, R. et al. Assessment of genetic diversity in Napier grass (*Pennisetum purpureum* Schum.) using microsatellite, single-nucleotide polymorphism and insertion-deletion markers from pearl millet (*Pennisetum glaucum* [L.] R. Br.). **Plant molecular biology repórter**. v. 34, p. 265-272, 2016. <https://doi.org/10.1007/s11105-015-0918-2>

LEÃO, U. S. et al. Unveiling the demographic background and genetic diversity of *Urochloa mosambicensis* (Poaceae) through genome-wide identification of simple sequence repeats and molecular marker development. **Conservation Genetics Resources**. v. 15, n. 3, p. 135-143, 2023. <https://doi.org/10.1007/s12686-023-01312-8>

MARTINS, C.T.V.D., do NASCIMENTO, T. L., BUENO, L.G. et al. *Urochloa mosambicensis* in the Brazilian semi-arid region: morpho-agronomic characterization of accessions under restricted climatic conditions. **Genetic Resources and Crop Evolution**. p.1-14, 2023. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01797-0>

MATIAS, F. I. et al. *Urochloa* spp. multivariate performance: Similarities and divergences among intra- and interspecific populations. **Crop Science**. v. 61, n. 2, p. 1104-1116, 2020.

MELO, A. F. et al. Desempenho produtivo de cultivares de *Brachiaria brizantha* (syn. *Urochloa brizantha*) submetidas à adubação orgânica. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 7, p. 1-19, 2021.

MENDES-BONATO, A. B.; GARGIONE, R.; FILHO, J.; PAGLIARINI, M.S.; do VALLE, C.B.; PENTEADO, M.I. Unusual cytological patterns of microsporogenesis in *Brachiaria decumbens*: abnormalities in spindle and defective cytokinesis causing precocious cellularization. **Cell Biology International**, v. 26, n. 7, p. 641-646, 2002.

MENDES, L. M. **Análise cariotípica em acessos diploides de *Urochloa brizantha* e *Urochloa decumbens* e poliploides de *Urochloa dictyoneura* (POACEAE)**. 2020. 40 f. Dissertação de (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Programa de Pós-Graduação em Botânica Aplicada, Área de concentração em Botânica Aplicada. Lavras, 2020.

MOFFETT, A. A.; HURCOMBE, R. U. T. H. Chromosome numbers of South African grasses. **Heredity**, v. 3, n. 3, p. 369-373, 1949.

MORAIS, L. C.; SOBRINHO, F. SOUZA; TECHIO, V. H. Comparative microsporogenesis between diploid and tetraploid plants of *Brachiaria ruziziensis* and their progenies. **South African journal of botany**, v. 119, p. 258-264, 2018.

MWENDIA, S. et al. Benefícios econômicos e ambientais não explorados das forrageiras cultivadas na Zâmbia. **CABI Reviews**. v.18, n.1, p.1-12, 2023. <https://doi.org/10.1079/cabireviews.2023.0038>

MURTHY, T. C. S.; BASAVAIAH. Karyomorphological studies on five species of *Urochloa* P. Beauv. (Poaceae). **Cytologia**, v. 55, n. 3, p. 431-435, 1990.

NANI, T. F.; PEREIRA, D. L.; SOUZA SOBRINHO, F.; TECHIO, V. H. Physical Map of Repetitive DNA Sites in *Brachiaria* spp.: Intravarietal and Interspecific Polymorphisms. **Crop Science**. v. 56, p. 1769-1783, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.12.0760>

NATH, J.; MEHRA, K. L. Cytological studies in the tribe Paniceae, Gramineae. **Cytologia**, v. 35, n. 1, p. 111-131, 1970.

NITTHAISONG, P.; ISHIGAKI, G.; TANAKA, H.; O AKASHI, R. Chromosome number, genomic variation, and molecular markers to assess genetic diversity of species. **Crop Science**. v.56, p.312–321, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.04.0203>

OLIVEIRA, A. J. et. al. Principais marcadores moleculares. **Research, Society and Development**. v. 10, n. 15, p. e562101523633, 2021. <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i15.23633>.

PANIAGO, B. da C.; VALLE, C. B. do. Importância da estimativa do fluxo gênico em gramináceas de clima tropical para o melhoramento genético de plantas. **Evidência**, v. 16, n. 1, p. 7-18, 2016.

RATHORE P, SCHWARZACHER T, HESLOP-HARRISON JS, BHAT V, TOMASZEWSKA P. The repetitive DNA sequence landscape and DNA methylation in chromosomes of an apomictic tropical forage grass, *Cenchrus ciliaris*. **Frontiers in Plant Science**, v.13 p.952968, 2022. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.952968>.

RICCI, G. C. L.; SOUZA-KANESHIMA, A. M. D.; FELISMINO, M. F. et al. Chromosome numbers and meiotic analysis in the pre-breeding of *Brachiaria decumbens* (Poaceae). **Journal of Genetics**. v.90, p.289–294, 2011. <https://doi.org/10.1007/s12041-011-0087-5>

RISSO-PASCOTTO, C.; PAGLIARINI, M.S.; do VALLE, C.B. A New Basic Chromosome Number for the Genus *Brachiaria* (Trin.) Griseb. (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). **Genetic Resources and Crop Evolution**. v.53, p. 7–10, 2006. <https://doi.org/10.1007/s10722-005-7762-4>

ROHLF, F. J. **NTSYS-Pc**: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 2.1. Nova Iorque: Exeter Publishing Led, 2000.

SERROTE, C. M. L. et al. Determining the polymorphism information content of a molecular marker. **Gene**, v. 726, p. 144175, 2020.

SOUZA, J. S. et al. Development, validation and characterization of genic microsatellite markers in *Urochloa* species. **American Journal of Plant Science**. v.9, p.281-295, 2018.

SPIES, J. J. et al. Basic chromosome numbers and polyploid levels in some South African and Australian grasses (Poaceae). **Bothalia**, v. 21, n. 2, p. 163-170, 1991.

TEGEGN, A.; KYALO, M.; MUTAI, C. et al. Genetic diversity and population structure of *Brachiaria brizantha* (A.Rich.) Stapf accessions from Ethiopia. **African Journal of Range & Forage Science**. v.36, p.129–133, 2019. <https://doi.org/10.2989/10220119.2019.1573760>

TIMBÓ, A. L. de O.; PEREIRA, R. C.; SOUZA SOBRINHO, F.; DAVIDE, L. C. Nuclear DNA content and chromosome number in *Brachiaria* spp. genotypes. **Revista Ciência Agronômica**. v. 45, n. 1, p. 62–67, 2014. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000100008>

TOMASZEWSKA, P. et al. Complex polyploid and hybrid species in an apomictic and sexual tropical forage grass group: genomic composition and evolution in *Urochloa* (*Brachiaria*) species. **Annals of Botany**, v. 131, n. 1, p. 87-108, 2023. <https://doi.org/10.1093/aob/mcab147>

VALLE, C. B.; PAGLIARINI, M. S. Biology, Cytogenetics, and Breeding of *Brachiaria*. In: SINGH, R. J. (ed.) **Genetic resources, chromosome engineering, and crop improvement**. Boca Raton: CRC Press. v. 2. p. 103–143, 2009.

VIANA, O. J. Tem mais autores? Ensaio de Avaliação IV: comportamento do capim gunia (*Urochloa mosambicensis* (Hack) Dandy), nas condições litorâneas cearenses. **Ciência Agronômica**. v.2, p. 29-31, 1972.

VIGNA, B. B. Z. et al., Genetic diversity and population structure of the *Brachiaria brizantha* germplasm. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 3-4, p. 157-169, 2011.

WORTHINGTON, M.; EBINA, M.; YAMANAKA, N. et al. Translocation of a parthenogenesis gene candidate to an alternate carrier chromosome in apomictic *Brachiaria humidicola*. **BMC Genomics**. v. 20, p. 1-18, 2019. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5392-4>