

CÁSSIA ÂNGELA PEDROZO

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO EM FASES INICIAIS NO MELHORAMENTO DA
CANA-DE-AÇUCAR

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento, para obtenção do título
de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2006

CÁSSIA ÂNGELA PEDROZO

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO EM FASES INICIAIS NO MELHORAMENTO DA
CANA-DE-AÇÚCAR

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-graduação em Genética e
Melhoramento, para obtenção do título
de “*Magister Scientiae*”.

APROVADA: 25 de setembro de 2006.

Prof. Sebastião Martins Filho
(Co-Orientador)

Prof. Sérgio Yoshimitsu Motoike
(Co-Orientador)

Prof. José Eustáquio de Souza Carneiro

Prof. Luis Antônio dos Santos Dias

Prof. Márcio Henrique Pereira Barbosa
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

A DEUS por ter me abençoado a cada dia de minha caminhada, ajudando-me a concretizar mais essa importante etapa.

Aos meus pais Euclydes Pedrozo e Maria Gabriela Pedrozo e aos meus irmãos Marcio, Alisson, Fábio, Maria José e Lúcia, pelo apoio constante, pela compreensão e pelo imenso carinho dedicado.

Aos meus queridos sobrinhos: Leandro, Alexandre, Juninho, Arnon, Jackelyne, Caroline e Tainara por todos os momentos de intensa felicidade.

À Universidade Federal de Viçosa pela oportunidade de realização do Curso de Pós-Graduação.

À FAPEMIG, pela concessão de auxílio financeiro, possibilitando a realização deste trabalho.

Ao professor Marcio Henrique Pereira Barbosa, pela orientação e principalmente pela paciência e atenção.

Ao pesquisador da EMBRAPA Gado de Corte, Marcos Deon Vilela de Resende pelo auxílio nas análises estatísticas.

Aos professores Sebastião Martins Filho e Sérgio Yoshimitsu Motoike pela atenção e pelo aconselhamento.

Aos professores José Eustáquio de Souza Carneiro e Luiz Antonio dos Santos Dias pelas valiosas sugestões.

Aos meus queridos amigos de Lavras: Kelly, Helder, Daiana, Pablo, Rose, Josi, Kênia e Robson pela amizade e pelos inesquecíveis momentos de descontração.

Aos amigos do Laboratório de Citogenética da Universidade Federal de Lavras pelo apoio, e especialmente à Professora Lisete Chamma Davide pelo carinho, atenção e pelos valiosos conselhos.

Aos amigos do Programa de Genética e Melhoramento: Jaqueline, Ramon, Maurinho, Cândida, Ana Paula, Demerson, Edmar e Maíra pelo agradável convívio e momentos de descontração.

Às amigas de república: Fátima, Paula e Maria Emília pela amizade e companheirismo.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

CÁSSIA ÂNGELA PEDROZO, filha de Euclydes Pedrozo e Maria Gabriela Pedrozo, nasceu em 16 de setembro de 1979, em Lavras, MG.

Em agosto de 2000, iniciou o curso de graduação em Agronomia na Universidade Federal de Lavras, MG, concluindo-o em janeiro de 2005.

Em fevereiro de 2005, ingressou no Programa de Pós-Graduação, em nível de Mestrado, em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, MG, submetendo-se à defesa de tese em setembro de 2006.

Em outubro de 2006 ingressou no Programa de Pós-Graduação, em nível de Doutorado na Universidade Federal de Viçosa, MG.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	3
2.1. Taxonomia e origem da cana-de-açúcar.....	3
2.2. Histórico do melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil.....	6
2.3. Melhoramento genético da cana-de-açúcar.....	12
2.4. Programa de melhoramento desenvolvido pela RIDESA.....	26
2.5. Teoria de modelos mistos aplicada ao melhoramento genético de plantas.....	29
3. MATERIAL E MÉTODOS	45
3.1. População base.....	45
3.2. Avaliação experimental.....	46
3.3. Análises estatísticas.....	53
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	65

4.1. Teste de médias para os tratamentos considerados na fase T2.....	65
4.2. Estimativas dos parâmetros genéticos.....	66
4.3. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica.....	75
4.4. Predição dos valores genotípicos.....	80
5. CONCLUSÕES.....	86
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	87
ANEXO.....	94

RESUMO

PEDROZO, Cássia Ângela, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2006. **Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar**. Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-Orientadores: Sebastião Martins Filho e Sérgio Yoshimitsu Motoike.

O presente estudo teve por objetivos: a) Avaliar o efeito da seleção para o número de colmos na fase T1 (primeira fase de seleção); b) Estimar coeficientes de correlação genotípica dentro da fase T2 (segunda fase de seleção) e entre as fases T1 e T2; c) Estimar parâmetros genéticos e prever valores genotípicos para a seleção de clones de cana-de-açúcar. Um total de 5298 genótipos obtidos do cruzamento entre as cultivares RB72454 e RB83102, o qual se realizou em 1998, em Murici – AL constituiu a fase de seleção T1. Em 2000, deste número total de genótipos, 130 foram amostrados quanto ao número de colmos presentes na touceira, constituindo 5 tratamentos que definiram o experimento referente à fase T2, quais sejam: Tratamento 1- genótipos que apresentaram 2, 3 ou 4 colmos na touceira; Tratamento 2 – 5, 6 ou 7 colmos; Tratamento 3 – 8, 9 ou 10 colmos; Tratamento 4 – 11, 12 ou 13 colmos e Tratamento 5 – 14 ou mais colmos. Os experimentos referentes às duas fases de seleção foram conduzidos no

Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar – CECA, da Universidade Federal de Viçosa. A comparação entre as médias dos tratamentos foi feita pelo teste Tukey ($\alpha = 0,05$) utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com 5 repetições. Os resultados indicaram que genótipos que não apresentarem na fase T1 pelo menos cinco colmos na touceira deverão ser descartados, mesmo que apresentem outros caracteres favoráveis. Além do registro do número de colmos avaliaram-se também na fase T1, para os 130 genótipos o Brix, altura e diâmetro de colmos. Na fase T2 avaliaram-se os seguintes caracteres: Brix, altura, diâmetro e número de colmos, peso médio de colmos, produção estimada de colmos, toneladas de colmos por hectare e toneladas de Brix por hectare. As estimativas dos parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos, foram obtidas por meio do programa computacional Selegen – REM/BLUP (Resende, 2002a; Resende, 2002b). De posse dos valores genotípicos foram obtidos os coeficientes de correlação genotípica entre caracteres avaliados na fase T1 e T2, coeficientes de correlação entre caracteres avaliados na fase T2, taxas de avanço genético, proporções mínimas de seleção e porcentagens de coincidência de genótipos selecionados na fase T1 que se mostraram superiores na fase T2. Os resultados obtidos permitiram concluir que, dentre os caracteres avaliados na fase T1, a altura do colmo foi o que se mostrou mais promissor a ser considerado na seleção de genótipos a serem incluídos na fase T2, uma vez que apresentou as maiores estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidade, acurácia de seleção e relação CV_g/CV_e), maiores coeficientes de correlação genotípica entre as fases T1 e T2 e maiores taxas de avanço genético. Na fase T2, a produção estimada de colmos apresentou alta correlação genotípica com a produtividade de colmos, constituindo-se assim em uma alternativa de seleção indireta para este segundo caráter. Dentre os clones avaliados na fase T2, RB987620, RB987572 e RB987561 foram os que apresentaram os maiores valores genotípicos preditos quanto ao caráter TBH.

ABSTRACT

PEDROZO, Cássia Ângela, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September 2006. **Efficiency of selection in initial phases of sugar-cane breeding.** Adviser: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-Advisers: Sebastião Martins Filho and Sérgio Yoshimitsu Motoike.

The objectives of the present study were: a) evaluate the effect of the selection for stem number in phase T1 (preliminary phase of selection); b) estimate coefficients of genotypic correlation within phase T2 (second phase of selection) and between phases T1 and T2; c) estimate genetic parameters and predict genotypic values for clone selection. A total of 5298 genotypes obtained from the crossing between cultivars RB72454 and RB83102, which were carried out in 1998, in Murici – AL, constituted selection phase T1. In the year 2000, of this total 130 genotypes were sampled in relation to the number of stems present in the clump, comprising 5 treatments that defined the experiment of phase T2, as follows: Treatment 1 - genotypes with 2, 3 or 4 stems per clump; Treatment 2 - 5, 6 or 7 stems; Treatment 3 - 8, 9 or 10 stems; Treatment 4 - 11, 12 or 13 stems and Treatment 5 - 14 or more stems. The experiments referring to the two selection phases were carried out at the Sugar-cane Improvement Center - CECA, of the Federal University of Viçosa.

The Tukey's test ($\alpha = 0.05$) was used to compare treatment means, using a randomized block design with 5 repetitions. The results indicated that genotypes not presenting at least five stems per clump in phase T1 should be discarded, even if they show other favorable characteristics. Besides recording stem number, Brix, height and stem diameter were also evaluated in phase T1, for the 130 genotypes. In phase T2 the following traits were evaluated: Brix, height, diameter and stem number, mean stem weight, estimated stem production, tons of stems per hectare and tons of Brix per hectare. The genetic parameter estimates and the prediction of genotypic values were obtained by the Selegen - REM/BLUP software (Resende, 2002a; Resende, 2002b). Genotypic values were used to obtain the coefficients of genotypic correlation between the traits evaluated in the phases T1 and T2, correlation coefficients between the traits evaluated in phase T2, rates of genetic progress, minimal selection proportions and percentage of coincidence of genotypes selected in phase T1 that were shown superior in phase T2. The results allowed the conclusion that, among the traits evaluated in phase T1, stem height had more potential for being considered in the selection of genotypes to be included in phase T2, since it gave the highest estimates of genetic parameters (heritability, selection accuracy and CV_g/CV_e ratio), highest coefficients of genotypic correlation between phases T1 and T2 and highest rates of genetic progress. In phase T2, the estimated stem production gave high genotypic correlation with stem productivity, constituting therefore an alternative to indirect selection for this second trait. Among the clones evaluated in phase T2, RB987620, RB987572 and RB987561 had the highest predicted genotypic values for trait TBH.

1. INTRODUÇÃO

O objetivo essencial no melhoramento de espécies de reprodução vegetativa é identificar, selecionar e multiplicar o genótipo superior de uma população, de forma que este venha a ser amplamente cultivado pelos produtores.

Em cana-de-açúcar, o processo de seleção do genótipo superior visando sua clonagem inicia-se logo na população segregante, gerada a partir da hibridação de genitores previamente selecionados. Após a seleção dos genótipos na população segregante, aplica-se às etapas posteriores do programa, o método de melhoramento denominado “seleção clonal”. Neste caso, à medida que ocorre o avanço das gerações, aumenta-se também, a quantidade de propágulos vegetativos dos clones selecionados. Este fato possibilita aumentar a precisão experimental e a eficiência da seleção, uma vez que os clones passam a ser avaliados em experimentos com repetição, por vários cortes e em diversos ambientes. Considerando todo esse processo de seleção clonal, o tempo gasto na identificação do genótipo superior fica em torno de 11 a 13 anos (Barbosa *et al.* 2005).

Melhoristas de cana-de-açúcar buscam melhorar a eficiência das metodologias utilizadas no processo de seleção, com o propósito de otimizar a relação entre os recursos consumidos e o produto final obtido. Um aspecto envolvido nesta questão diz respeito ao tempo requerido entre a realização dos cruzamentos e a liberação de uma nova cultivar. De acordo com Cuenya *et al.* (1999), a Unidade Integrada de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (U.I.M.C.A., EEAO – INTA) em Tucumán, estabeleceu a necessidade de se diminuir esse lapso de tempo, eliminando-se uma etapa da seleção clonal e modificando, conseqüentemente, os procedimentos empregados, como por exemplo, o tamanho de parcelas das novas etapas propostas.

A seleção em populações segregantes de cana-de-açúcar, a qual ocorre em nível de indivíduo, é uma etapa do programa passível de ser melhorada pela avaliação crítica dos critérios utilizados neste processo. Sem dúvida, a seleção de indivíduos superiores será mais eficiente se for conduzida em populações de maior média ou maior frequência de alelos

favoráveis. Com base nesta premissa é que alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar no mundo têm praticado rotineiramente seleção de famílias antes da obtenção dos clones (Cox *et al.*, 2000; Bressiani, 2001; Kimbeng e Cox, 2003), sobretudo para caracteres cuja herdabilidade baseada nas médias de famílias tem se mostrado superior a herdabilidade com base em plantas individuais, tal como a produção de colmos.

De qualquer forma, a obtenção dos clones passa necessariamente, pela avaliação visual dos indivíduos, seja ela realizada em famílias previamente selecionadas ou não. Nesta fase, é comum a prática de seleção indireta para o caráter principal, ou seja, produção de colmos via altura de plantas, número e diâmetro de colmos da touceira. Melhoristas de cana-de-açúcar concordam que a seleção nesta primeira etapa não deve ser intensa, tendo em vista que estes caracteres apresentam baixa herdabilidade (Hogarth *et al.*, 1997).

Com o objetivo de melhorar a eficácia da seleção em nível de indivíduos, diversos programas de melhoramento da cana-de-açúcar das Universidades Federais constituintes da Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA (www.ridesa.org.br) têm utilizado a seleção de famílias, que poderá ser otimizada se ênfase for dada aos componentes da produção que melhor se correlacionarem com a produtividade de açúcar por hectare dos clones em gerações futuras.

Este trabalho teve por objetivos: a) Avaliar o efeito da seleção para o número de colmos na fase T1; b) Estimar coeficientes de correlação genotípica dentro da fase T2 e entre as fases T1 e T2 e c) Estimar parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos para seleção de clones de cana-de-açúcar.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Taxonomia e origem da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma planta alógama, semi-perene e, pertencente à tribo Panicoideae, subtribo Andropogoneae, família Gramineae (Poaceae) e gênero *Saccharum*. De acordo com Segalla (1964) a cana-de-açúcar foi originalmente classificada por Lineu, em 1753, em duas espécies, ou seja, *Saccharum officinarum*, na qual se incluíam todas as canas tropicais cultivadas e *S. spicatum*. Posteriormente, muitas modificações foram efetuadas no gênero *Saccharum*, sendo mais destacadas e aceitas aquelas realizadas por Jeswiet (1927) e Brandes (1956), citados ainda por Segalla (1964), onde este gênero passou a ser formado pelas espécies *S. officinarum* L., *S. barberi* Jeswiet, *S. sinense* (Roxb) Jeswiet, *S. spontaneum* L., *S. robustum* Jeswiet e *S. edule*, Hask. De acordo com Naidu e Sreenivasan (1987), as três primeiras espécies são cultivadas e as demais silvestres.

Segundo Roach e Daniels (1987), Mukherjee (1957), demonstrou que os gêneros *Saccharum*, *Erianthus* sect. *Ripidium*, *Sclerostachya* e *Narenga* formavam um grupo de intercruzamentos envolvido na origem da cana-de-açúcar, o qual se denominou por “complexo *Saccharum*”. Posteriormente, Roach e Daniels (1977) relataram, também, *Miscanthus* sect. *Diandra* Keng como pertencente ao complexo, sem o qual seria imprescindível a evolução da cana-de-açúcar.

Com base na distribuição geográfica, *Miscanthus* e *Erianthus* sect. *Ripidium* são vistos como gêneros primários no complexo e fortemente relacionados ao gênero *Saccharum*. Por outro lado, os gêneros *Sclerostachya*, *Narenga* e *Saccharum* teriam evoluído posteriormente (Roach e Daniels, 1987).

A origem da cana-de-açúcar ainda hoje é bastante discutida, no entanto, alguns autores, como Gomes e Lima (1964), relatam que, possivelmente, esta cultura seja originária do sudeste da Ásia. De acordo com Ethirajan (1987), as cultivares de cana-de-açúcar se enquadram em duas categorias, segundo avaliações históricas e evidências taxonômicas. A

primeira categoria se refere às canas “Nobres” tropicais, tendo Nova Guiné como centro de origem primário. Estas canas apresentam colmos espessos, macios, suculentos e doces. A segunda categoria se refere às canas Indianas/Chinesas subtropicais, e tem como centro de origem o subcontinente indiano. Essas canas apresentam colmos finos a médios, duros e pouco produtivos.

A espécie *S. officinarum* L ($2n = 80$) é conhecida como “cana-nobre” devido ao seu alto teor de açúcar. Apresenta colmos grossos, macios, suculentos e com cores vivas, além de ampla variabilidade para produtividade e teor de sacarose (Segalla, 1964; Naidu e Sreenivasan, 1987). Embora o centro de origem desta espécie não seja relatado com certeza, Nova Guiné é tido como seu centro de diversidade. *S. officinarum* provavelmente se desenvolveu de *S. spontaneum*, *Miscanthus* e *Erianthus arundinaceus* (Roach e Daniels, 1987). Matsuoka *et al.* (2005) relatam que esta espécie foi a mais cultivada a nível mundial desde o final do século XVIII até o início do século XIX, além de ser uma das principais espécies contribuintes para o desenvolvimento das cultivares modernas.

As espécies *S. barberi* Jeswiet ($2n = 81 - 124$) e *S. sinense* Roxb. ($2n = 111 - 120$) têm sido cultivadas desde os tempos pré-históricos (Roach e Daniels, 1987) e são conhecidas como cana da Índia e cana da China, respectivamente. Estas espécies são tolerantes a estresses ambientais e às principais doenças ocorrentes na cana-de-açúcar. No entanto, seus usos em programas de melhoramento são restritos, devido ao pobre florescimento e baixa fertilidade (Naidu e Sreenivasan, 1987). Várias são as hipóteses de origem destas duas espécies. Uma delas é que, *S. sinense* surgiu da introgressão de *S. officinarum* com *Miscanthus sacchariflorus*, ou da introgressão entre *Erianthus* sect. *Ripidium*, *Sclerostachya* e *Miscanthus*. Por outro lado, a espécie *S. barberi* pode ter se desenvolvido de *S. spontaneum* na Índia, ou da introgressão de *S. officinarum* com *S. spontaneum* (Roach e Daniels, 1987).

S. robustum Brandes e Jeswiet ex Grassl ($2n = 60 - 205$) apresenta colmos vigorosos, bastante fibrosos e, geralmente, muito pobres em açúcar (Segalla, 1964). Em seu habitat natural, esta espécie hibridiza-se facilmente com outras espécies e gêneros relacionados, produzindo grandes

populações. Apesar de programas de melhoramento de vários países utilizarem *S. robustum* com o objetivo de aumentar a produtividade e a quantidade de fibra em cultivares de cana, o envolvimento desta espécie na evolução de cultivares comerciais é limitado a algumas poucas cultivares havaianas (Naidu e Sreenivasan, 1987). Supõe-se que esta espécie tenha se originado da introgressão de *S. spontaneum* com outros gêneros (Roach e Daniels, 1987).

A espécie *S. spontaneum* L. ($2n = 40 - 128$) foi a que mais colaborou para a produção de cultivares adaptadas a diversas condições climáticas e tolerantes às principais doenças (Naidu e Sreenivasan, 1987). O possível envolvimento de *Sclerostachya* e *Erianthus* sect. *Ripidium* Henrard na origem de *S. spontaneum* foi sugerido inicialmente. No entanto, segundo Roach e Daniels (1987) esta espécie é provavelmente produto da introgressão entre membros ou protótipos do complexo *Saccharum*. Há evidências de que a Índia seja, ao mesmo tempo, o centro de origem e o centro de diversidade de *S. spontaneum* (Roach e Daniels, 1987).

Finalmente, *S. edule* Hassk. ($2n = 60 - 80$) é considerada uma espécie resultante da introgressão de *S. officinarum* ou *S. robustum* com outros gêneros, e se assemelha bastante a esta última espécie (Roach e Daniels, 1987; Ethirajan, 1987), embora não tenha contribuído para o desenvolvimento de cultivares nos programas de melhoramento. Apresenta inflorescência comestível, sendo considerada uma olerícola tradicional na Melanésia (Roach e Daniels, 1987).

As cultivares de cana-de-açúcar atualmente em cultivo são híbridos clonais, geralmente de 6ª a 10ª geração e constituídas por contribuições das espécies *S. officinarum*, *S. barberi*, *S. sinensi*, *S. spontaneum* e *S. robustum* (Daniels e Roach, 1987; Matsuoka, et al., 2005). Geralmente, procura-se aliar a rusticidade de espécies como *S. spontaneum*, às boas qualidades das cultivares nobres de *S. officinarum*.

2.2. Histórico do melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil

Em 1493, Cristóvão Colombo iniciou o cultivo da cana-de-açúcar nas Antilhas. A partir daí, a história do açúcar no mundo ganhou novas dimensões. Embora não se conheça precisamente o local da costa brasileira onde teria sido cultivada pela primeira vez a cana-de-açúcar, nem a data da sua primeira introdução, não há dúvidas que o início do seu cultivo coincida com os primórdios da colonização do país. Segundo Junqueira e Dantas (1964), o primeiro grande empreendimento para o estabelecimento da cultura da cana foi efetuado por volta de 1532, quando Martin Afonso de Souza trouxe, em sua expedição, mudas originárias da Ilha da Madeira e as cultivou na capitania de São Vicente. No entanto, de acordo com Peixoto (1973), a história da cana-de-açúcar pode ter se iniciado antes mesmo da colonização, uma vez que há registros de que a primeira exportação de açúcar para a metrópole portuguesa, a partir de Pernambuco, ocorrera no ano de 1521.

De acordo com alguns relatos (Junqueira e Dantas, 1964; Andrade e Andrade, 1969; Fernandes e Irvine, 1987), o primeiro engenho teria sido construído em São Vicente, seguido pela construção de outros nas Capitanias de Pernambuco e de São Tomé, por volta de 1533, onde alguns destes permaneceram em atividade por mais de um século. Relata-se também, que, por volta de 1550, Pernambuco tornou-se o maior produtor mundial de açúcar e, em 1570, dos cerca de 60 engenhos existentes na costa brasileira, 41 estavam entre os Estados de Pernambuco e Bahia, assinalando-se assim, o início de larga produção açucareira no Brasil (Junqueira e Dantas, 1964).

Das canas cultivadas no Brasil nos três primeiros séculos da colonização, a única cultivar que se tem conhecimento é a denominada Crioula, a qual foi introduzida em Pernambuco, no século XVI, tendo predominado durante quase 250 anos (Junqueira e Dantas, 1964; Eisenberg, 1977). As canas crioulas eram híbridos resultantes do cruzamento entre *S. officinarum* e *S. barberi*, e se extinguíram devido à alta suscetibilidade ao vírus-do-mosaico.

A partir do século XVI, a produção de açúcar no mundo passou por uma ampla modificação, devido ao plantio de cultivares oriundas de *S. officinarum*, em substituição às espécies *S. sinensi* e *S. barberi*. O emprego de cultivares de *S. officinarum* era facilitado pelo clima tropical, onde os novos engenhos se localizavam, e pela superioridade destas cultivares nobres quanto ao teor de açúcar e fibra, quando comparados à cultivar Crioula, anteriormente utilizada. Não obstante, a superioridade produtiva, as canas nobres não apresentavam a rusticidade e a resistência a doenças, características das canas Norte-Indianas (Roach e Daniels, 1987).

Entre 1790 e 1803, o governador do Pará, Francisco de Souza Coutinho, enviou a esta província, uma coleção de cultivares nobres cultivadas na Guiana Francesa. Uma destas cultivares, a qual recebeu o nome de Caiana (de Caiena, nome da capital da Guiana Francesa), devido ao seu alto vigor e rusticidade, logo substituiu a cana Crioula e continuou a ser a cultivar predominantemente utilizada no Brasil pela maior parte do século XIX (Junqueira e Dantas, 1964; Eisenberg, 1977), contribuindo grandemente, naquela época, para a expansão da indústria açucareira brasileira.

Por volta de 1869 uma enfermidade, denominada gomose, devastou a cultivar Caiana, fazendo com que houvesse grande interesse, por parte dos produtores, na obtenção de novas cultivares resistentes (Eisenberg, 1977; Machado *et al.*, 1987). Dentre as cultivares encontradas no Brasil, apenas a Roxa, Rosa, Ubá e Cristalina, foram cultivadas em substituição à Caiana. Durante cerca de 30 anos, até o advento dos híbridos javaneses e indianos, foram estas cultivares, a base dos canaviais brasileiros (Junqueira e Dantas, 1964).

Na década de 20 o vírus-do-mosaíco devastou todos os grandes centros açucareiros da América, culminando na mais importante epidemia da cultura da cana. Nesta mesma ocasião os canaviais brasileiros eram formados exclusivamente pelas canas nobres, as quais eram muito ricas em açúcar, porém, altamente susceptíveis ao mosaico. As cultivares nobres cultivadas no Brasil, até então, precisaram ser substituídas por cultivares javanesas resistentes (POJ 36 e POJ 213), bem como por outras cultivares importadas da Argentina e da Índia (Arruda, 1941; Junqueira e Dantas, 1964;

Machado *et al.*, 1987). Uma das cultivares javanesas permaneceu em produção no país até ser devastada pelo carvão, o qual foi detectado nos canaviais brasileiros em 1946. Matsuoka *et al.* (2005) mencionam que, embora o carvão tenha causado grandes danos aos canaviais brasileiros, os prejuízos foram marcados mais pelos serviços de prevenção da doença do que pelo ataque, propriamente dito.

Com a produção ameaçada por doenças e com a limitada resistência apresentada pelas canas nobres, o desenvolvimento de novas cultivares por meio de sementes verdadeiras também se tornou uma alternativa atrativa (Roach e Daniels, 1987). O brasileiro Gervásio Caetano Peixoto Lima foi o primeiro a observar, em 1842, que a cana se reproduzia por meio de sementes. Entretanto, essa e outras observações sobre a fertilidade dessas sementes foram ignoradas até que a sua capacidade de germinação foi “redescoberta”, simultaneamente, por pesquisadores em Java e Barbados.

Em 1892, Manoel Cavalcante de Albuquerque, proprietário de um engenho em Escada, obteve sucesso na reprodução sexual da cana-de-açúcar. Ele desenvolveu seedlings da cana Caiana e selecionou a primeira cultivar brasileira, conhecida como Manteiga, a qual contribuiu grandemente para a substituição da Caiana e controle da gomose (Junqueira e Dantas, 1964; Eisenberg, 1977).

Roberto Ullivarri, trabalhando em Porto Rico, obteve sementes da autofecundação de uma cultivar indiana (Co 419). Entre os seedlings produzidos, foi selecionada a cultivar NA 56-79, sendo esta introduzida no Brasil em 1964 e alcançando grande importância durante a expansão do programa Pró-Álcool (Machado *et al.*, 1987), época na qual houve um grande salto da produtividade de cana-de-açúcar. Esta cultivar, posteriormente, entrou em declínio, devido a grandes incidências de carvão.

No Brasil, os primeiros programas de melhoramento da cana-de-açúcar tiveram início em 1933, em Campos – RJ, em 1934, no Instituto Agrônomo de Campinas e na Estação Experimental de Curado – Pernambuco (Fernandes *et al.*, 1991).

Em 1910, no estado de Pernambuco, posteriormente ao trabalho pioneiro de Cavalcanti, instituiu-se um programa de melhoramento na Estação Experimental de Escada, seguido por um programa desenvolvido na

Estação Geral de Experimentação de Barreiras. Destes programas foram desenvolvidas as cultivares EB e as cultivares SBP. Em 1933, estes programas foram substituídos por aqueles das estações experimentais de cana-de-açúcar de Quissama e Curado. Na estação de Curado foram desenvolvidas as cultivares PB, as quais foram posteriormente chamadas de cultivares IANE (Instituto Agrônomo do Nordeste) (Machado *et al.*, 1987).

As primeiras usinas brasileiras de açúcar se concentraram em Pernambuco e Alagoas até o século XX. No entanto, com a expansão da produção de café e abolição da escravidão, a indústria de cana-de-açúcar entrou em declínio, apenas se recuperando em 1930, com a criação do Instituto do Açúcar e do Alcool (IAA) (Fernandes e Irvine, 1987). O IAA foi criado em 1933, após a crise de 1929, pelo Governo Federal, Getúlio Vargas, como fruto da fusão de dois órgãos governamentais, ambos criados em 1931: a Comissão de Estudos sobre o Alcool Motor e a Comissão de Defesa da Produção do Açúcar. Os principais objetivos que nortearam a criação do IAA foram: a regulamentação do mercado de açúcar do País e o fomento da produção de álcool anidro. Para evitar o aumento desordenado da produção de açúcar, foram estabelecidas quotas de produção e normas para todas as etapas do processo produtivo e de comercialização dos produtos nos mercados internos e externos, para as usinas em funcionamento (Junqueira e Dantas, 1964).

O primeiro programa brasileiro de melhoramento da cana-de-açúcar de longa duração foi o de Campos, tendo se iniciado em 1933 e finalizado em 1973. Durante o período em que esteve em andamento, este programa desenvolveu as cultivares com prefixo CB (Campos-Brasil), que serviram de base para as usinas de açúcar do Rio de Janeiro e São Paulo (Machado *et al.*, 1987).

No estado de São Paulo, os trabalhos de obtenção de novas cultivares foram iniciados por Aguirre Jr., na antiga Estação Experimental de Cana-de-açúcar e Plantas Oleaginosas de Piracicaba, em 1934. Posteriormente, esta Estação foi transferida para a Seção de Cana-de-açúcar do Instituto Agrônomo de Campinas (Segalla, 1964). Os primeiros cruzamentos deste programa foram realizados entre a cana Kassoer e canas javanesas (Arruda, 1941), em Ubatuba, região propícia ao florescimento e

fertilidade da cultura. As cultivares pertencentes a este programa ficaram conhecidas pela sigla IAC.

No ano de 1959 foi fundada a Cooperativa de Produtores de Cana-de-açúcar, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo, a qual tinha por objetivo comercializar a produção de álcool e açúcar de seus associados. Já em 1963, as usinas cooperadas iniciaram um pequeno programa de melhoramento, o qual foi posteriormente ampliado pela Copersucar, para a liberação das primeiras cultivares SP (Fernandes *et al.*, 1991).

Em 1966, por meio de esforços conjuntos de usinas de açúcar e do IAA, institui-se a Estação Experimental de Cana-de-açúcar de Alagoas. Neste mesmo ano o geneticista norte-americano, Mangels Dorf, ex-diretor da Estação Experimental de Cana do Havaí, esteve em visita ao Brasil, a convite do IAA. Mangels Dorf elaborou um relatório propondo a criação no país, de um programa de pesquisas agrônômicas, com o objetivo de elevar os rendimentos agrícolas da cultura canavieira. No entanto, esse relatório só foi retomado em 1970, onde a Estação de Alagoas reuniu pequenos órgãos de pesquisas e outros estados produtores de cana-de-açúcar, em um amplo e sólido programa, culminando assim no Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (PLANALSUCAR), no ano de 1971 (Machado *et al.*, 1987). Tal Programa teve como meta básica a obtenção de novas cultivares com elevados índices de produtividade e maior resistência a pragas e doenças, em substituição àquelas cultivares até então utilizadas no país.

Dada a grande extensão territorial do Brasil e a conseqüente ocorrência de condições edafo-climáticas e socio-econômicas específicas, o programa de melhoramento do PLANALSUCAR foi dividido em subprogramas regionais. Sendo assim, a Estação Experimental de Alagoas, localizada na Serra do Ouro, Murici, foi incorporada ao PLANALSUCAR como uma estação coordenadora central, onde eram realizados os cruzamentos (Matsuoka, 1988). As sementes desenvolvidas nesta estação eram distribuídas para seleção e testes por meio de quatro regiões administrativas (Carpina, Pernambuco; Rio Largo, Alagoas; Campos, Rio de Janeiro; Araras, São Paulo).

As primeiras cultivares desenvolvidas pelo PLANALSUCAR, denominadas RB (República do Brasil) foram liberadas para o estado de Alagoas em 1977 (Oiticica, 1977). Dentre todas as cultivares desenvolvidas, aquela que apresentou maior potencial e que ainda hoje exibe grande importância, a nível nacional, está a RB72454 (Matsuoka, 1988).

A instituição do PLANALSUCAR coincidiu com o desenvolvimento gerado pelo Proálcool (Programa Nacional do Álcool). Este cenário foi perfeito para absorver as novas cultivares desenvolvidas, muitas das quais se caracterizavam por serem ecléticas e, desta forma, atendiam a uma expressiva diversidade de condições edafo-climáticas, criada pela expansão das áreas de cultivo (<http://pmgca.dbv.cca.ufscar.br>).

Em 1990 o PLANALSUCAR foi extinto juntamente com o IAA. No entanto, após um ano, o corpo técnico e a infraestrutura das sedes e das coordenadorias e estações experimentais deste programa, foram absorvidos, inicialmente, por sete universidades federais (UFPR, UFSCar, UFV, UFRRJ, UFSE, UFAL e UFRPE), as quais instituíram a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA. Mais recentemente, a Universidade Federal de Goiás (UFG) foi também agregada à RIDESA.

Como constatado anteriormente, não obstante a inconstância dos trabalhos e o encerramento de atividades em curto espaço de tempo, de grande parte das estações pioneiras, não há dúvidas de que estas trouxeram valiosas contribuições ao setor, estabelecendo normas, difundindo tecnologia, promovendo o intercâmbio e a substituição de cultivares (Matsuoka *et al.*, 2005).

Atualmente, o Brasil se encontra entre os pioneiros na obtenção de cultivares de cana-de-açúcar de valor comercial (Matsuoka, *et al.*, 2005), sendo estas desenvolvidas por quatro principais programas: 1) O tradicional programa de melhoramento do Instituto Agrônomo de Campinas-IAC (<http://www.iac.sp.gov.br>); 2) O programa de melhoramento do Centro de Tecnologia Canavieira - CTC (<http://www.ctc.com.br>), extinta Copersucar; 3) O Programa de melhoramento das universidades federais que compõem a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA (<http://www.ridesa.org.br>); e 4) o mais novo deles, Canavialis (<http://www.canavialis.com.br>).

O programa de melhoramento mais recente no Brasil, ou seja, o da Canavialis surgiu em 2004, e tem sua sede em Campinas, ao lado da Alellyx, que é uma empresa de genômica, ambas pertencentes à Votorantim Novos Negócios.

2.3. Melhoramento genético da cana-de-açúcar

2.3.1. Florescimento

A alogamia constatada na cultura da cana-de-açúcar é devida a dois fatores, ou seja, auto-incompatibilidade e macho-esterilidade. Este último é de extrema importância em programas de melhoramento, uma vez que determina se o genótipo será utilizado como doador ou receptor de pólen (Heinz e Tew, 1987).

Para realizar a hibridação é necessário promover o florescimento dos genitores, bem como o seu sincronismo. De acordo com Levi (1983) as áreas onde o florescimento da cana-de-açúcar ocorre naturalmente são zonas banhadas pelo mar, localizadas entre 8 e 10° de latitude, com umidade relativa e precipitação altas e com solos pobres. A temperatura mínima necessária para o florescimento é de 18° C e a máxima de 32 a 35° C.

No Brasil, atualmente, existem duas estações de cruzamentos onde o florescimento dos genótipos é possível em condições naturais: a estação de cruzamentos da Serra-do-Ouro, em Murici, AL, vinculada ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas, que fornece sementes à RIDESA, e a estação de cruzamentos da CTC (extinta COPERSUCAR), localizada em Camamu, Ba, que produz sementes tanto para seu programa quanto para o programa do IAC.

Sabe-se que, a grande limitação em se efetuar polinizações desejáveis nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar é a falta de sincronismo para época de floração entre os diferentes genótipos. De acordo com Moore (1987), o florescimento da cana-de-açúcar é sazonal, com a maioria dos clones apresentando indução de florescimento e emergência de panículas durante o encurtamento dos dias. Sendo assim, em ambientes

onde o florescimento de genótipos de interesse é dificultado, faz-se necessário recorrer a técnicas especiais de indução artificial. Segundo Nayamuth *et al.* (2003), em geral, quando os requerimentos em fotoperíodo, temperatura e umidade não são satisfeitos, o florescimento é inibido ou sua intensidade é reduzida.

Barbosa *et al.* (2005) relataram que, sob o aspecto comercial, o florescimento é indesejável, uma vez que além de interromper o crescimento, consome energia, podendo provocar a murcha das células parenquimatosas, fenômeno denominado “chochamento” ou “isoporização”. Sendo assim, a renitência ao florescimento é um caráter procurado na seleção de cultivares e tem sido também um dos fatores responsáveis pelo não-florescimento dos clones utilizados nos cruzamentos, obrigando os programas de melhoramento a recorrer a condições ambientais específicas, onde até mesmo os genótipos mais renitentes possam florescer regularmente e ter boa fertilidade.

2.3.2. Cruzamentos

O desenvolvimento de cultivares superiores depende essencialmente, da escolha adequada dos genitores a serem utilizados nos cruzamentos, bem como da condução de sistemas apropriados destes cruzamentos. Preferencialmente, devem-se escolher genótipos que já apresentem características de interesse com valores adequados, de modo que as populações obtidas tenham bom desempenho e já tenham fixadas tais características consideradas. Este requisito é alcançado, normalmente, pelo uso de cultivares comerciais ou pré-comerciais, por já apresentarem um conjunto de genes de interesse (Souza Jr., 1995). No entanto, vale ressaltar que, por ser a cana-de-açúcar uma cultura alógama, deve-se evitar, por meio do planejamento dos cruzamentos, os efeitos de endogamia.

De acordo com Barbosa e Silveira (2000), diversos são os critérios considerados para a escolha dos cruzamentos, no entanto, de um modo geral, os melhoristas de cana-de-açúcar consideram a genealogia, a divergência genética e a associação de características de importância agroindustrial dos genitores. Lascano e Mariotti (1969) mencionam que a

avaliação dos genitores por meio da porcentagem de seleção em suas descendências é um método simples e bastante empregado, o qual se baseia no conhecimento da capacidade de combinação de genitores.

Matsuoka *et al.* (2005) ressaltam que o planejamento de cruzamentos que envolvem a fase sexual de reprodução, requer informações tais como a herdabilidade no sentido restrito dos diferentes caracteres, para prever ganhos com a seleção de genitores. Neste caso, considera-se apenas a variância aditiva, a qual permite prever quais características são mais fáceis de serem transmitidas à progênie. Sendo assim, a performance dos genitores pode ser utilizada para prever a performance da geração seguinte.

Ainda segundo Matsuoka, *et al.* (2005) os cruzamentos entre genitores de interesse, podem ser feitos de diferentes maneiras: i) cruzamentos simples ou bi-parentais, em que são utilizados apenas dois genitores conhecidos, sendo provavelmente o tipo mais empregado pelos melhoristas; ii) policruzamentos, em que um grande número de genitores, selecionados são inter cruzados, colhendo-se sementes de todas as panículas, impedindo a identificação da fonte de pólen; iii) polinização livre, em que sementes são colhidas de inflorescências de plantas que crescem livremente.

A razão pela qual os cruzamentos bi-parentais são preferidos pelos melhoristas, segundo Breaux (1987), é a possibilidade de estes serem reproduzidos. Este fato torna possível o teste de progênies de uma série de cruzamentos em pequena escala, repetição dos cruzamentos “elite”, e cultivo dos seedlings resultantes em grande escala. No entanto, o sucesso desta estratégia depende do tempo, facilidade e confiabilidade com que os cruzamentos “elite” podem ser identificados.

Os custos e limitações relacionados ao sistema de cruzamento e a importância da variância genética não-aditiva em cana-de-açúcar (Hogarth, 1977; Hogarth *et al.*, 1981; Bastos *et al.*, 2003) aumentam a necessidade de um modo eficiente e acurado de avaliação de cruzamentos para maximizar os ganhos genéticos do programa de melhoramento. A maioria dos programas avalia os cruzamentos pela porcentagem de seedlings obtidos destes, que foram selecionados e avaliados em estádios mais avançados do

programa. No entanto, este método é inviável, uma vez que, requer vários anos de avaliação (Kimbeng e Cox, 1992). Sendo assim, uma estratégia mais rápida para detectar os cruzamentos potenciais seria a concentração de esforços na seleção de famílias “elite”.

Dentre várias estatísticas, o procedimento REML/BLUP tem sido sugerido para uso na avaliação do potencial de genitores no melhoramento de plantas (Bridges, 1989). Barbosa *et al.* (2004) relataram pela primeira vez o emprego do método REML/BLUP na estimação dos componentes de variância e seleção de genitores e famílias de cana-de-açúcar no Brasil. Segundo estes autores os componentes de média estimados via BLUP possibilitaram a seleção de famílias e de genitores superiores, especializados na produção de biomassa.

2.3.3. Seleção

No melhoramento de culturas alógamas e de propagação vegetativa, a exemplo da cana-de-açúcar, as cultivares ou clones utilizados como genitores são altamente heterozigóticos, o que faz com que uma ampla segregação ocorra logo na primeira geração após a hibridação. Uma grande vantagem neste caso, é que uma vez identificado um genótipo superior na primeira geração, este pode ser fixado, permitindo assim, que a seleção seja conduzida durante diferentes anos e ambientes, sem que ocorra a sua descaracterização genômica. A possibilidade de propagação vegetativa simplifica alguns procedimentos de melhoramento, reduzindo assim, o tempo gasto no desenvolvimento de uma nova cultivar, que no caso da cana-de-açúcar, segundo Barbosa *et al.* (2005), tem ocorrido após cerca de 13 anos de inúmeras avaliações dos clones.

A possibilidade de propagação vegetativa em cana-de-açúcar permite que a seleção para esta cultura seja realizada em etapas. Sendo assim, as etapas iniciais são caracterizadas por avaliações pouco precisas, devido à escassez de material propagativo, enquanto que, nas fases subseqüentes, à medida que se aumenta a quantidade de material propagativo, aumenta-se também a precisão experimental e, conseqüentemente a possibilidade de se

identificar com precisão o genótipo ou genótipos superiores (Souza Jr., 1995).

A primeira seleção de campo em programas de melhoramento da cana-de-açúcar é realizada logo na população segregante (fase de seleção denominada T1 pela RIDESA), momento no qual cada genótipo é representado por uma única touceira. Nesta fase milhares de genótipos precisam ser avaliados, podendo-se proceder com a seleção no estádio de cana planta ou cana soca. Segundo Lascano e Mariotti (1970) a seleção em cana soca é preferida por alguns programas de melhoramento, sob o argumento que, aparentemente, as diferenças entre os genótipos são mais evidentes neste estádio. Além do mais, essa estratégia permitiria uma seleção natural para capacidade de rebrota.

De acordo com Matsuoka, *et al.* (2005), na fase T1 a seleção pode ser realizada entre vários “seedlings” que foram dispostos conjuntamente no plantio (plantio em molho), seleção de famílias ou seleção de plantas individuais. Entretanto, Fernandes e Souza (1997) afirmam que a primeira seleção, geralmente é realizada de forma individual (massal).

A seleção individual na fase inicial do programa de melhoramento apresenta baixa eficiência quando comparada com as subseqüentes fases de seleção. Este fato é decorrente dos baixos valores de herdabilidade encontrado para alguns caracteres, tais como altura, diâmetro e número de colmos (Skinner *et al.*, 1987). De acordo com Matsuoka *et al.* (2005) e Bressiani (2001), as melhores estratégias a serem consideradas nesta fase é a seleção massal, realizada com alta intensidade apenas para os caracteres de alta herdabilidade, como Brix e resistência a doenças ou a seleção de famílias.

As primeiras etapas de seleção em muitos programas de melhoramento se baseiam apenas na seleção visual, a qual é realizada de forma indireta, ou seja, baseia-se em caracteres secundários para se selecionar o caráter principal (produção de Brix). Este tipo de seleção é utilizado na avaliação de grandes populações, mas sua eficiência tem sido questionada em diversas culturas (Frey, 1962; Briggs *et al.*, 1970; Tai, 1975; Dahiya *et al.*, 1984). Alguns autores estudaram a eficiência da seleção visual na cultura da cana (Lyrene, 1977; Mariotti, 1968), e concluíram que esta

apresenta uma magnitude razoável, mas que, no entanto, varia principalmente com a experiência do selecionador.

Segundo Allard (1960), no processo de seleção visual os selecionadores devem estar bastante familiarizados com a cultura, caso contrário, a seleção dos genótipos superiores não será eficiente. Com base neste fato, Tai (1975) sugeriu que os selecionadores fossem treinados a se concentrar apenas em caracteres com alta herdabilidade em etapas iniciais de seleção. No entanto, a seleção baseada em um ou poucos caracteres de alta herdabilidade poderia causar o descarte de genótipos valiosos para outros caracteres.

Galvez e Empig (1977) relatam que a seleção em estádios precoces de programas de melhoramento de cana-de-açúcar é imprecisa, principalmente quando cada genótipo é representado por uma única planta. Nestas circunstâncias, muitos erros devido a interação genótipos x ambientes estão sujeitos a ocorrer.

Em cana-de-açúcar, grande parte dos caracteres agrônômicos, industriais e de resistência a doenças é de natureza quantitativa, de forma que a seleção de indivíduos superiores é fortemente influenciada por componentes ambientais. Além disso, o comportamento em socas é bastante distinto daquele em cana-planta e, como a safra se estende por seis ou mais meses, os caracteres se alteram também durante o mesmo ciclo, cuja mudança é ainda distinta entre diferentes locais (Matsuoka, *et al.*, 2005). Sendo assim, além da quantificação da magnitude da interação genótipos x ambientes, um outro aspecto que deve ser levado em conta nas fases iniciais do programa de melhoramento da cana-de-açúcar, diz respeito ao comportamento dos genótipos nas soqueiras. Ferreira *et al.* (2005) determinaram o número de medições a serem realizadas para as características toneladas de colmos por hectare, toneladas de sacarose no caldo da cana por hectare e teor de sacarose dos colmos, por cento cana. Verificou-se, nas três características, a necessidade de emprego de no mínimo três cortes, para que a seleção possa ser praticada com previsibilidade do valor real do genótipo acima de 80%.

Sabe-se que, a herdabilidade entre famílias, geralmente é superior àquela entre plantas individuais. Sendo assim, a seleção de famílias tem

sido adotada em alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar, como método de seleção indireta de clones superiores em populações segregantes (Jackson, *et al.*, 1995; Jackson e McRae, 1998). Entretanto, a seleção de famílias só será mais eficiente que a massal se ocorrer uma alta correlação genética entre o desempenho das famílias e dos seus clones.

Segundo Jackson e McRae (1998), em programas de melhoramento de cana-de-açúcar que preconizam a seleção de famílias, esta geralmente é efetuada na primeira fase de seleção e posteriormente, plantas individuais são selecionadas dentro das famílias superiores. A partir daí, os genótipos selecionados são avaliados por mais duas ou três fases de seleção, antes do lançamento comercial dos clones superiores. Uma vantagem potencial da seleção de famílias quando comparada com a seleção individual, segundo Jackson, *et al.* (1995) e Jackson e McRae (1998) é que o seu desempenho pode ser avaliado em vários ambientes ainda nas etapas iniciais de seleção. Esta estratégia é de grande importância quando as interações genótipos x ambientes são elevadas na região foco do programa de melhoramento.

Nas fases subseqüentes à seleção inicial e, intermediárias no processo de seleção, a quantidade de material propagativo ainda é bastante limitada, havendo necessidade de avaliação de grande número de clones dentro de recursos disponíveis. Nestas fases, os experimentos são constituídos por parcelas pequenas, de um ou dois sulcos, e avaliados sem repetições e em um único local, preferencialmente baseado no teor de açúcar (Skinner *et al.*, 1987; Matsuoka, *et al.*, 2005; Jackson e McRae, 2001). Um delineamento estatístico bastante utilizado pelos melhoristas nesta etapa é o DBA (delineamento em blocos aumentados), proposto por Federer (1956). Este tipo de delineamento permite a avaliação de um grande número de genótipos sem se utilizar repetições, permitindo assim, contornar o problema relacionado à limitação de material propagativo.

Nas etapas finais do processo de seleção, a precisão experimental pode ser aumentada, graças à possibilidade em se empregar maior número de repetições e locais de avaliação. Sendo assim, torna-se possível intensificar a seleção de caracteres mais sujeitos à influência ambiental, como produtividade de colmos e açúcar. Nestas etapas, geralmente,

emprega-se o delineamento em blocos ao acaso, com arranjo em parcelas subdivididas no tempo (diferentes cortes), segundo modelo proposto por Steel e Torrie (1960), citados por Matsuoka, *et al.* (2005). Assim, quando a precisão experimental permitir razoável segurança nas recomendações, após avaliações de pelo menos quatro cortes em diferentes anos e ambientes de cultivo, as cultivares podem, então, ser liberadas comercialmente.

2.3.4. Parâmetros genéticos considerados no processo de seleção

De acordo com Dudley e Moll (1969), um programa de melhoramento pode ser dividido em três etapas: (i) obtenção de um conjunto diverso de genótipos, para constituição do banco de germoplasma, (ii) seleção dos genótipos superiores dentro deste conjunto; e (iii) utilização dos genótipos selecionados para desenvolver cultivares superiores. Em todas estas etapas, o conhecimento dos diferentes parâmetros genéticos é de grande valia, visto que auxilia tanto na elaboração quanto no direcionamento do programa.

2.3.4.1. Herdabilidade

Dentre os vários parâmetros genéticos estudados em uma população, o mais considerado por melhoristas, com o intuito de investigar a natureza da variabilidade observada é a herdabilidade, devido ao fato desta levar em conta todos os componentes de variância (Falconer, 1981). Em espécies de propagação vegetativa, tanto a herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), que é dada pela relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica total, quanto a herdabilidade no sentido restrito (h^2_r), dada pela relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica total, são aplicáveis no melhoramento.

Estimativas de h^2_a em nível de plantas individuais e de famílias de cana-de-açúcar, em fase inicial da seleção em vários países, e apresentadas a seguir foram adaptadas por Skinner *et al.* (1987). Em plantas individuais, as estimativas foram de baixa magnitude, para os caracteres produção de colmos (TCH), produção de Brix (TBH), número, diâmetro e altura do colmo

(NC, DIA e AC). A estimativa para TBH foi de 0,16, enquanto que para os demais caracteres as estimativas variaram de 0,10 a 0,17 para TCH, 0,13 a 0,26 para NC, 0,30 a 0,44 para DIA e 0,21 a 0,32 para AC. As estimativas para Brix e resistência a carvão e ferrugem foram mais elevadas, geralmente, superior a 0,50. As estimativas de herdabilidade considerando famílias foram superiores às estimativas considerando indivíduos, para todos os caracteres considerados.

Kang *et al.* (1983) estimaram coeficientes de h^2_a em cana-planta, soca e ressoça de clones selecionados de dois cruzamentos bi-parentais. As estimativas baseadas na média de parcelas foram de 0,84 para AC, 0,94 para DIA, 0,82 para NC, 0,93 para peso médio do colmo (PMC), 0,88 para Brix e 0,81 para TCH.

Singh *et al.* (1981) ao estudar 48 cultivares de cana-de-açúcar encontrou coeficientes de h^2_a de 0,03 para o peso médio do colmo (PMC), 0,66 para Brix e DIA, e 0,74 para AC. Estes autores relatam que pequenas diferenças desses resultados em relação a outros estudos podem ser devido a diferenças entre os genótipos avaliados, tamanho da amostra e local considerado.

Em um experimento conduzido com genótipos provenientes de três origens, Sharma e Singh (1998) encontraram moderada h^2_a para PMC, AC e DIA (0,34 a 0,53, 0,42 a 0,50 e 0,33 a 0,39, respectivamente) e alta herdabilidade para Brix (0,62 a 0,72).

Bressiani (1993) estimou coeficientes de h^2_r em cana planta e cana soca da segunda fase de seleção e em cana planta da terceira fase de seleção. Este autor mostrou que as estimativas apresentaram grande variação entre as fases. Na segunda fase as estimativas variaram de 0,57 a 1,19 para o caráter Brix, de 0,30 a 1,00 para AC, de -0,34 a 0,25 para DIA, de 0,21 a 0,34 para NC e de 0,19 a 0,32 para peso do colmo (PC). Na terceira fase de seleção, por outro lado, as estimativas para AC, DIA, NC, Brix e PC foram: 0,61, -0,14, 0,52, 0,74 e 0,42, respectivamente.

Pelos trabalhos mencionados anteriormente observa-se que os coeficientes de herdabilidade sofrem grandes variações de acordo com a população e com as fases de seleção consideradas. Logo, pode se inferir que as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em cana-de-

açúcar são peculiares àquelas populações e fases consideradas, sendo, até certo ponto, impossível e arriscado extrapolar resultados encontrados na literatura para outras condições, tornando necessário que estas estimativas sejam obtidas para populações e condições em que o melhorista esteja trabalhando (Zacarias, 1977).

2.3.4.2. Coeficientes de correlação entre caracteres

O conhecimento a respeito da presença ou ausência de associação entre caracteres é de fundamental importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e/ou, tenha problemas de medição e identificação.

Segundo Cruz *et al.*, (2004) é possível determinar três diferentes classes de correlação entre caracteres, ou seja, fenotípica, genotípica e ambiental. A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população, é a fenotípica. Esta correlação é constituída de causas genéticas e ambientais, porém, só as genéticas podem ser utilizadas na orientação de programas de melhoramento. O ambiente é uma causa de correlação nos casos em que dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais.

A principal causa das correlações genéticas, segundo Falconer (1981), é a pleiotropia, mecanismo pelo qual um gene afeta simultaneamente dois ou mais caracteres, de forma que, na presença de segregação, haverá variação simultânea em ambos os caracteres envolvidos. Uma segunda causa é atribuída ao desequilíbrio de ligações gênicas. No entanto, esta é uma causa transitória da correlação, especialmente em populações derivadas de cruzamentos entre linhagens divergentes, podendo ser alterada em gerações avançadas, por quebra nos conjuntos gênicos pelas permutas.

Em relação aos efeitos pleiotrópicos, Cruz *et al.*, (2004) mencionam que, alguns destes podem ocorrer no sentido de afetar positivamente (aumentar) os caracteres, enquanto outros podem diminuí-los. Entretanto,

em alguns casos, os efeitos podem ocorrer no sentido de aumentar alguns caracteres, diminuindo-se outros, não causando, necessariamente, uma correlação detectável.

A alta magnitude da correlação indica a existência de relação linear entre os caracteres estudados. Quanto ao sinal, interpreta-se que os valores negativos da correlação indicam que o fator genético, fenotípico ou ambiental favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos indicam que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações. De maneira geral, as correlações genéticas e ambientais apresentam o mesmo sinal, entretanto, nos casos em que tal fato não é observado, há indicativo de que as causas da variação genética e ambiental influenciam os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos (Falconer, 1981). Cruz *et al.* (2004) ressaltam ainda que, os sinais dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica podem, eventualmente, ser diferentes, sendo o fato, em geral, atribuído a erros de amostragem.

Quando dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro associado. Entretanto, se um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar o cuidado de, ao selecionar esse, não provocar mudanças indesejáveis em outros (Cruz *et al.* 2004). A não significância do coeficiente de correlação entre dois caracteres, indica que os mesmos podem ser manipulados independentemente durante o processo de seleção, ou seja, ao se selecionar para um dos caracteres o outro manterá sua média inalterada.

Sabe-se que estimativas de correlação fenotípica se prestam mais à orientação em um programa de melhoramento, enquanto que as genéticas são muito mais úteis em representar os verdadeiros valores das associações entre caracteres. Desta forma, a obtenção de estimativas de correlações genéticas deve ser preferida, sempre que possível, uma vez que fornece informações mais precisas, elevando assim, as possibilidades de seleção de genótipos superiores, e conseqüentemente, o desenvolvimento de novas cultivares.

Zacarias (1977) ressalta que no melhoramento da cana-de-açúcar é inevitável considerar os coeficientes de correlação genética entre os diversos caracteres não podem ser desconsiderados, pois quando o melhorista aplica pressões de seleção para um dado caráter, a população sob seleção não é afetada somente para aquele determinado caráter, mas também por todos os outros a ele associados.

Em programas de melhoramento da cana-de-açúcar estudos que permitem conhecer a magnitude e direção dos coeficientes de correlação entre caracteres podem ser realizados tanto dentro de uma mesma fase, quanto entre diferentes fases de seleção. Na literatura são encontrados diversos estudos com o objetivo de estimar coeficientes de correlação genotípicos e fenotípicos dentro de fases de seleção, ao passo que, estudos de correlação entre diferentes fases, são menos freqüentes (Ram *et al.*, 1996; Chaudhary *et al.* 1989; Bressiani *et al.*, 1993; Mariotti, 1973).

Especialmente em fases preliminares de seleção de clones dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, a seleção do caráter principal, no caso, a produção de colmos ou produção de açúcar, é realizada com base em caracteres secundários, denominados componentes da produção. Tal fato se baseia em respostas correlacionadas à produção.

Em um estudo realizado em clones da terceira fase de seleção em cana-de-açúcar, Zacarias (1977) encontrou as seguintes estimativas de correlações genéticas entre caracteres: -0,06 para DIA x TCH; 0,37 para AC x TCH; 0,57 para NCM x TCH. Este autor concluiu que para a fase de seleção em estudo, o número de colmos deveria ser considerado, uma vez que foi o caráter que mais contribuiu para a produção de cana por área. Em uma revisão realizada por Mariotti (1977), em estudos de associação na cultura da cana-de-açúcar, o número de colmos também se destacou como o principal componente da produção.

James (1971) obteve correlações fenotípicas entre o caráter principal TCH e os componentes NC, DIA e AC, em três populações de cana-de-açúcar, sendo a primeira constituída por seedlings (cana-planta) e a segunda e terceira por clones da primeira geração, em cana-planta e cana-soca, respectivamente. Observou-se que a associação entre os caracteres variou bastante entre as populações, sendo geralmente, superiores dentro

da população de seedlings. As correlações apresentaram as seguintes variações: NC x TCH: 0,585 a 0,825; DC x TCH: 0,076 a 0,314; e CC e TCH: 0,286 a 0,331.

Kang *et al* (1983) estimaram coeficientes de correlação genética em cana-planta, soca e rressoca de clones da segunda fase de seleção. Neste estudo, os coeficientes de correlação genotípica entre os caracteres AC, DIA, NCM, PMC, Brix e o caráter TCH foram em média, 0,49, 0,40, 0,25, 0,52 e - 0,37, respectivamente. Adicionalmente, os coeficientes de correlação destes mesmos caracteres com o caráter toneladas de açúcar por hectare (TAH) foram em média, 0,40, -0,01, 0,12, 0,21 e 0,63, respectivamente.

Reddy e Reddi (1986) estimaram coeficientes de correlação genotípica na segunda fase de seleção. No geral, os caracteres TCH e TBH apresentaram altas correlações positivas com seus componentes. As maiores correlações foram observadas para NC e PC com TCH (0,80 e 0,83) e NC e PC com TBH (0,67 e 0,63).

De acordo com Mariotti (1968), a expressão de um caráter em uma determinada etapa de seleção não é a reprodução exata do ocorrido em etapas anteriores, nem do que ocorrerá em avaliações posteriores. Este fato se deve principalmente a influência do ambiente no comportamento de uma mesma planta nas distintas fases consideradas. Sendo assim, a eficácia da seleção em nível de indivíduos na fase T1 poderá ser incrementada se ênfase for dada aos componentes da produção que melhor se correlacionarem com a produção dos genótipos em futuras gerações clonais. Segundo Ram *et al.* (1996) a ampla dessemelhança observada no desempenho de genótipos entre diferentes fases de seleção em melhoramento de cana-de-açúcar, se deve provavelmente, a desuniformidade dos coeficientes de correlação para caracteres comerciais.

James e Miller (1971) obtiveram coeficientes de correlação fenotípica entre o número de colmos por metro (NCM), DIA e Brix entre a cana soca da primeira fase e cana planta da segunda fase de seleção. De acordo com esses autores o NCM e o Brix na primeira fase não predizem confiavelmente o comportamento dos genótipos na segunda fase, uma vez que os coeficientes de correlação para estes caracteres entre as duas fases foram

de 0,36 e 0,38, respectivamente. O DIA foi o critério de seleção mais confiável, apresentando coeficiente de correlação fenotípica de 0,62.

Bressiani (1993) estimou correlações fenotípicas de caracteres entre a primeira, segunda e terceira fase de seleção em progênes de seis cruzamentos biparentais. Os coeficientes de correlação entre a primeira e segunda fase foram 0,54, 0,42, 0,44, 0,68 e 0,42 para AC, DIA, NC, Brix % caldo e PC, respectivamente. Estes resultados mostram que dentre os caracteres avaliados na primeira e segunda fase de seleção, o Brix é aquele que melhor assegura a possibilidade de uma seleção eficiente logo na primeira fase.

Ram *et al.* (1996) conduziram um experimento visando estudar coeficientes de correlação fenotípica de sete caracteres (NC, DIA, AC, PC, Brix, TCH e TBH) entre a primeira e segunda fase de seleção, em três cruzamentos de cana-de-açúcar e em dois ambientes distintos (normal e sob condições restritas de irrigação). Sob condições normais de ambiente, as correlações foram, em média, 0,20, para NC e AC, e 0,30 para PC e Brix. No entanto, para DIA esse valor foi superior, ou seja, 0,8.

Cuenya e Mariotti (1993) investigaram o comportamento de 20 progênes híbridas de cana-de-açúcar entre a primeira fase de seleção e a cana planta e cana soca da segunda fase. As maiores estimativas de correlação fenotípica média entre a primeira fase e cana planta da segunda fase de seleção foram obtidas para PC, AC e TCH (0,57, 0,55 e 0,53, respectivamente). Por outro lado, a AC foi o caráter que apresentou o maior valor de correlação (0,51) entre a primeira fase e a cana soca da segunda fase.

Cuenya *et al.* (1999) analisaram coeficientes de correlação fenotípica dos componentes da produção entre a primeira e a segunda fase de seleção da Unidade Integrada de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar, em Tucumán. Dois esquemas de seleção foram comparados neste estudo, ou seja, tradicional e modificado, onde neste último eliminou-se uma etapa de seleção clonal e aumentou-se o tamanho das parcelas. Os resultados mostraram que os caracteres DIA, PMC e AC poderiam ser utilizados com eficiência na seleção precoce, dentro do esquema modificado.

Mariotti (1968) utilizando dados de cinco cruzamentos de cana-de-açúcar estudou coeficientes de correlação fenotípica entre a primeira e segunda fase de seleção para os caracteres considerados de maior importância nos programas de melhoramento genético da Argentina. Dentre os caracteres estudados o único que apresentou coeficiente de repetibilidade razoável, apesar de ter apresentado tendência negativa em um dos cruzamentos, foi o DIA, o qual variou de -0,41 a 0,61 entre a cana soca da primeira fase e segunda fase de seleção.

2.4. Programa de melhoramento desenvolvido pela RIDESA

A RIDESA, a qual foi instituída após a extinção do PLANALSUCAR, não somente deu continuidade ao programa de desenvolvimento de novas cultivares realizado por este último programa, como também o ampliou para atender a crescente demanda do setor, inclusive com o desenvolvimento de cultivares precoces.

Segundo Barbosa *et al.* (2005), o programa de melhoramento da RIDESA tem como ponto forte a parceria com usinas e destilarias, as quais têm participado do desenvolvimento das cultivares desde as etapas iniciais do programa. Esse trabalho de parceria permite ao produtor e ao melhorista definir a melhor estratégia de manejo para as novas cultivares desenvolvidas.

Até o presente momento, 46 cultivares já foram liberadas pela RIDESA, sendo duas delas, RB867515 e RB928064, desenvolvidos pela Universidade Federal de Viçosa. As cultivares de sigla RB, anteriormente desenvolvidas pelo PLANALSUCAR, e atualmente pela RIDESA, estão sendo cultivadas em mais de 50% da área plantada com cana-de-açúcar no país, chegando em algumas regiões, a representar até 70% da área (<http://www.ridesa.org.br>).

As metodologias empregadas no programa de melhoramento da cana-de-açúcar da RIDESA são relatadas por Barbosa e Silveira (2000), Barbosa *et al.* (2005) e Matsuoka *et al.* (2005).

2.4.1. Cruzamentos

Os cruzamentos tem sido realizados na Estação de Floração e Cruzamento localizado na Serra do Ouro, em Murici, AL, sob a responsabilidade da Universidade Federal de Alagoas (UFAL). Nesta Estação, de acordo com Barbosa *et al.* (2005) estão reunidos mais de 2000 genótipos, entre cultivares utilizadas no país, clones, outras espécies relacionadas ao gênero *Saccharum* e cultivares importadas das diferentes regiões canavieiras do mundo.

2.4.2. Seleção

Assim como no extinto PLANALSUCAR, o processo de seleção da RIDESA é subdividido em cinco fases, as quais se convencionaram denominar fases T1, T2, T3, FM e FE, ou seja, primeira, segunda e terceira fase de seleção, fase de multiplicação e fase experimental, respectivamente.

- **Primeira fase de seleção (T1)**

A primeira fase de seleção é denominada T1, e é constituída por seedlings provenientes de cruzamentos pré-estabelecidos pelas universidades constituintes da RIDESA. Anualmente são produzidos pela RIDESA, cerca de 1.000.000 de plântulas para esta fase. De acordo com Barbosa e Silveira (2000) o número médio de plântulas avaliadas anualmente pela Universidade Federal de Viçosa, no período de 1992 a 1997 foi de 55.800. Juntamente com as plântulas, são alocadas no campo parcelas de cultivares-padrão, as quais são essenciais para se obter estimativas prévias do Brix, além de servirem de referência na seleção dos genótipos para florescimento e chochamento.

No mês de julho do ano subsequente ao transplântio, em plena época seca e fria, é efetuado o corte em cana-planta. A seleção de genótipos a serem clonados tem sido realizada dos 10 aos 12 meses no estágio de cana soca. A seleção em cana soca é preferida em alguns programas de melhoramento, baseando-se no argumento que as diferenças entre os

genótipos, geralmente não são detectadas em cana planta, além de permitir que os genótipos sejam submetidos à seleção natural para a característica capacidade de rebrota (Lascano e Mariotti, 1970). Adicionalmente, algumas universidades fazem a seleção em duas épocas, abril e junho, de forma a se buscar, naquela primeira época, genótipos que apresentem a importante característica de precocidade (Barbosa *et al.*, 2005).

Na fase T1 seleciona-se preferencialmente, plantas que apresentem: a) mais de seis colmos por touceira; b) colmos de idade fisiológica semelhante e de diâmetro médio; c) hábito de crescimento ereto; d) tolerância às principais doenças fúngicas de ocorrência natural na região; e) florescimento e chochamento ausentes; e f) Brix semelhante ou superior ao das cultivares-padrão (Barbosa e Silveira, 2000, Matsuoka *et al.*, 2005).

- **Segunda fase de seleção (T2)**

A segunda fase de seleção é constituída por clones, os quais foram selecionados na cana soca da fase T1. Uma particularidade desta fase é o uso do DBA, o qual possibilita a avaliação de um grande número de clones sem a necessidade de utilização de repetições.

Na fase T2, devido aos mesmos problemas de baixas correlações entre o comportamento em cana planta e soca relatados anteriormente, a seleção é efetuada também, em ambos os anos, tendo-se como variável-alvo a produção de Brix por unidade de área (Matsuoka *et al.*, 2005).

- **Terceira fase de seleção (T3)**

A terceira fase de seleção consiste na avaliação de algumas centenas de clones selecionados em T2. Como relatado na fase anterior, na fase T3 o delineamento utilizado também tem sido o DBA, podendo este ser duplicado ou não, ou ainda, dentro de um mesmo local ou em diferentes regiões. No caso de avaliação em mais de um local procede-se com a multiplicação dos clones considerados.

Esta fase se caracteriza também, pelos testes de resistência a doenças, tais como mosaico e carvão, os quais são realizados em casa de vegetação.

- **Fase de multiplicação (FM)**

A fase de multiplicação consiste, basicamente, na multiplicação dos clones selecionados na fase T3, para obtenção de mudas a serem utilizadas na fase experimental. A partir desta fase, as universidades trocam entre si os clones selecionados.

Após terem sido multiplicados, os clones selecionados são enviados a diversos locais, em geral usinas e destilarias conveniadas, as quais variam de universidade para universidade, onde são obtidas as mudas.

- **Fase experimental (FE)**

Na fase experimental, ainda nas usinas e destilarias conveniadas às universidades, os clones promissores são avaliados em experimentos considerando-se o delineamento estatístico em blocos ao acaso, por três anos consecutivos e, quando possível, o experimento é repetido três vezes no mesmo local (Barbosa e Silveira, 2000; Matsuoka *et al.*, 2005).

Paralelamente aos ensaios de competição, são conduzidos ensaios adicionais com o intuito de se obter a curva de maturação dos clones avaliados. O início da amostragem para se obter a Pol % cana, que corresponde à porcentagem de sacarose aparente contida na cana-de-açúcar, fibra, pureza e açúcares redutores, geralmente se inicia em abril e se estende por sete meses, no centro-sul do Brasil.

2.5. Teoria de modelos mistos aplicada ao melhoramento genético de plantas

Um modelo estatístico tem como função explicar as observações de uma variável dependente por meio dos efeitos diferenciais que se atribuem a uma outra série de variáveis independentes. Tais efeitos podem se

classificar em fixos ou aleatórios. Quando a um determinado fator é atribuído um conjunto finito de tratamentos ou níveis, tal fator é tido como de efeito fixo (Searle *et al.*, 1992; Mcculloch e Searle, 2001). Nesse caso, as conclusões são restritas aos tratamentos estudados. Por outro lado, quando a um fator se atribui um conjunto infinito de tratamentos, os quais são amostras aleatórias de populações de referência, tal fator é tido como de efeito aleatório, e as inferências são feitas sobre as populações das quais os tratamentos foram amostrados.

Com base na natureza fixa ou aleatória dos efeitos contidos em um determinado modelo estatístico, este pode se classificar em modelo fixo, aleatório ou misto. Um modelo se diz fixo quando todos os efeitos nele existentes são de efeito fixo, exceção feita ao erro, o qual é sempre aleatório. Se o modelo apresentar apenas efeitos aleatórios, com exceção da média, que é sempre fixa, ele é dito aleatório. Por último, quando o modelo apresenta uma combinação de efeitos fixos e aleatórios, com exceção da média e do erro, ele é dito misto (Searle *et al.*, 1992, Mcculloch e Searle, 2001).

Em algumas situações, a decisão em se considerar um determinado efeito como fixo ou aleatório, não é imediatamente óbvia. De acordo com Mcculloch e Searle (2001) para chegar a tal decisão, o contexto dos dados, a maneira pela qual estes dados foram recolhidos e o ambiente do qual eles vieram, são fatores determinantes.

Em um determinado modelo, se os fatores são de efeitos fixos, além do interesse em estimar tais efeitos, existe também, interesse em estimar as diferenças entre os tratamentos (níveis) de tais fatores. Por outro lado, uma vez que os efeitos aleatórios de um modelo são devidos a uma variável aleatória não observável, existe interesse em estimar as variâncias e covariâncias dos efeitos e prever os valores de tal variável (Mcculloch e Searle, 2001). De acordo com Resende (2002b) a estruturação dos procedimentos de seleção, os quais são responsáveis pelo sucesso dos programas de melhoramento genético, baseia-se na estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos visando à avaliação genética dos candidatos à seleção.

Mcculloch e Searle (2001) relatam que os efeitos fixos de um determinado modelo são utilizados para ajustar a média dos dados observados, enquanto que os efeitos aleatórios são responsáveis por uma estrutura de variância-covariância destes dados. Sendo assim, ao contrário dos modelos de efeitos fixos, em modelos de efeitos aleatórios as observações não são independentes.

A metodologia de modelos mistos (MMM), inicialmente proposta por Henderson (1949), citado por Searle *et al.* (1992), consiste em prever os valores genéticos, tratados como de efeitos aleatórios, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo estatístico. Duarte e Vencovsky (2001) relatam que atualmente, a MMM tem se tornado bastante acessível aos usuários, graças à sua implementação em sistemas estatístico-computacionais de ampla divulgação como, por exemplo, o SAS (Statistical Analysis System), fato que não era constatado antes da década de 80.

Segundo Duarte e Vencovsky (2001), na área de genética e melhoramento, os genótipos avaliados devem ser considerados por definição, aleatórios, enquanto que os demais fatores podem ser considerados fixos. Neste caso, a análise do experimento por meio de um modelo misto é exigida. No entanto, estes mesmos autores relatam que tem sido comum o uso de análise baseada em modelo fixo para a estimação de médias de genótipos, mesmo quando estes foram obtidos por amostragem numa população. Nesse caso, a MMM é, geralmente, utilizada com o rigor da suposição, apenas para estimação de componentes de variância e para a construção dos testes F apropriados na análise da variância.

Quando se considera ensaios que seguem delineamentos ortogonais e balanceados, a ordem de classificação dos genótipos, em geral, não se altera com o tipo de modelo utilizado. Assim, a estimação de médias admitindo-se modelo fixo, quando na verdade o modelo é misto, não modificaria o resultado final da seleção (Duarte e Vencovsky, 2001). No entanto, quando se trata de dados desbalanceados e não ortogonais, a possibilidade de classificação diferenciada entre as duas abordagens analíticas é uma realidade (Bueno Filho, 1997).

Um modelo linear misto (Henderson, 1984) em sua forma mais simples pode ser representado por:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor observado do i-ésimo tratamento na j-ésima repetição;

μ : média do experimento, com $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

T_i : efeito aleatório do tratamento i, com $E(T_i) = 0$ e $E(T_i^2) = \sigma_T^2$;

B_j : efeito fixo da repetição j, com $E(B_j) = B_j$ e $E(B_j^2) = B_j^2$ e

ε_{ij} : efeito aleatório do resíduo ou erro experimental associado à observação ij, com $E(\varepsilon_{ij}) = 0$, $E(\varepsilon_{ij}^2) = \sigma^2$ e $E(\varepsilon_{ij}, \varepsilon_{i'j'}) = 0$.

2.5.1. Estimação dos componentes de variância

Componentes de variância são definidos como variâncias associadas aos efeitos aleatórios de um modelo estatístico (Barbin, 1993), sendo o seu conhecimento de crucial importância na área de genética e melhoramento, uma vez que as estratégias de seleção a serem utilizadas dependem de informações que podem ser obtidas a partir desses componentes.

Diferentes métodos de estimação de componentes de variância são demandados em função das diferentes situações experimentais e do balanceamento associado aos dados experimentais. Dentre os vários métodos de estimação, podem se citar aqueles derivados do método dos momentos (Método da Análise de Variância e Métodos de Henderson), métodos baseados na máxima verossimilhança (Máximo Likelihood – ML, Restricted Máximo Likelihood – REML e Variance Estimation From Integrated Likelihood – estimação Bayes) e Estimação Quadrática de Norma Mínima (Minimum Norm Quadratic Unbiased Estimation – MINQUE e Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation – MIVQUE). Estes métodos de estimação, dentre outros, são comentados por Searle *et al.*, (1992) e Mcculloch e Searle (2001).

Resende (2002b) relata que os estimadores de componentes de variância devem apresentar as seguintes propriedades desejáveis: (i) que a esperança matemática do estimador seja o próprio parâmetro (não-vício); (ii) que ao se aumentar o tamanho da amostra, a esperança do estimador convirja para o próprio parâmetro e a variância do estimador para zero (consistência); (iii) que o estimador apresente variância mínima (eficiência); (iv) que o estimador condense o máximo possível a informação contida na amostra e não seja função do parâmetro (suficiência); e (v) que a estimação dos componentes de variância não seja afetada por mudanças nos efeitos fixos (invariância a translação).

O método de estimação pela análise de variância (ANOVA) consiste em igualar os quadrados médios (QM) de cada fonte de variação obtidos da tabela de análise de variância, aos seus respectivos valores esperados ($E(QM)$) (Searle *et al.*, 1992). As soluções para estas equações correspondem às estimativas dos componentes de variância. O método ANOVA é utilizado tradicionalmente, para dados balanceados, onde os estimadores resultantes não demandam nenhuma suposição de normalidade dos dados. No entanto, sob normalidade, estes estimadores apresentam as propriedades de não-vício e variância mínima.

Segundo Searle *et al.* (1992), o método ANOVA pode também, ser aplicado a dados desbalanceados, apesar de, nesse caso, sua utilidade ser bastante limitada, uma vez que as propriedades de não vício e variância mínima mencionadas para dados balanceados não serem aqui observadas. No entanto, alguns procedimentos que se incluem dentro do método ANOVA, tais como aqueles propostos por Henderson (1953), denominados Métodos I, II e III de Henderson, podem ser aplicados a dados que apresentem certo nível de desbalanceamento.

Como relatado por Searle *et al.* (1992) e Mcculloch e Searle (2001), o método I de Henderson usa formas quadráticas que são análogas às somas de quadrados utilizadas para dados balanceados, e se caracteriza por fornecer estimativas não-viciadas e com variância mínima, quando os dados são balanceados ou o modelo é aleatório e os efeitos são não-correlacionados. No caso de ser utilizado para modelos mistos, o Método I precisa passar por uma adaptação, onde os efeitos fixos do modelo são

supostos inexistentes ou aleatórios. O Método II é uma adaptação do Método I, apresentando como característica comum a este último, a facilidade computacional, e como característica adicional, a capacidade de poder ser utilizado em modelos mistos, uma vez que leva em conta os efeitos fixos do modelo. Desta forma, o Método II de Henderson, consiste em estimar, primeiramente, os efeitos fixos do modelo, e a partir daí, aplicar o Método I para os demais efeitos. Por último, o Método III usa as somas de quadrados ajustadas ao modelo linear, onde a soma de quadrados para cada fator é calculada pela diferença entre as somas de quadrados obtidas pelo ajuste de um modelo completo e de um submodelo que exclui aquele fator. Este último método origina estimadores não-viciados e pode ser utilizado para modelos mistos.

Uma limitação do método ANOVA é a possibilidade de se obter estimativas negativas de variâncias (Searle, *et al.*, 1992; Mcculloch e Searle, 2001), não sendo recomendado em caso de grandes desbalanceamentos. Uma forma de evitar a obtenção dessas estimativas negativas seria a aplicação de outros métodos que excluam tal possibilidade, tais como, os métodos baseados em máxima verossimilhança ou alternativamente, um método de norma mínima (MINQUE).

Os métodos de estimação de componentes de variância atualmente preferidos são os que se baseiam no princípio da máxima verossimilhança, tais como Método da Máxima Verossimilhança (ML) e Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). Estes métodos apresentam como vantagem o descarte da possibilidade de obtenção de estimativas negativas dos componentes de variância (Mcculloch e Searle, 2001).

O método da máxima verossimilhança (ML), desenvolvido por Hartley e Rao (1967), consiste na obtenção de estimadores que maximizem a função densidade de probabilidade das observações, em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância dos efeitos aleatórios.

Considerando y o vetor de dados e θ o vetor de parâmetros, a função densidade de distribuição de y para um determinado valor θ pode ser representada como $f(y|\theta)$. No entanto, para θ ser a representação de um dos possíveis valores de θ , a função densidade pode ser reescrita como

$L(\theta | y) = f(y | \theta)$, a qual é denominada função de verossimilhança e consiste em determinar o valor de θ que maximiza $L(\theta | y)$. Apesar de matematicamente, este processo poder ser bastante direto, produzindo uma única expressão algébrica para a maximização de θ como função de y , para funções mais complexas o processo pode demandar métodos numéricos iterativos, sendo uma desvantagem, além de nem sempre produzir um único valor para a maximização de θ (Searle *et al.*, 1992).

Entende-se por iteração, o processo de resolução (de uma equação ou problema) mediante uma seqüência finita de operações em que o objeto de cada uma é o resultado da que a precede. De acordo com Searle *et al.* (1992), em métodos de estimação que se baseiam na iteração, devem ser fornecidos valores iniciais de parâmetros, onde, a partir daí o processo tem como função, obter o próximo valor na iteração, decidir quando esta deve ser paralisada e declarar o valor atual a ser a estimativa do componente de variância.

Em situações de dados balanceados, os estimadores ML apresentam as propriedades desejáveis de suficiência, consistência, eficiência e invariância a translação (Resende, 2002b). Uma característica dos estimadores ML é que eles consideram os efeitos fixos do modelo como conhecidos.

Duas principais limitações são encontradas no processo de estimação pelo método ML. A primeira é que, ao contrário do Método ANOVA, este método requer suposição de normalidade dos dados, e a segunda limitação é que devido ao fato de não levar em conta os graus de liberdade resultantes da estimação dos efeitos fixos do modelo, resulta em estimativas viciadas (Searle *et al.*, 1992). No entanto, apesar destas limitações, o método ML é computacionalmente mais simples.

O Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), é uma adaptação do método ML. Naquele primeiro método de estimação, cada observação é dividida em duas partes independentes, ou seja, uma parte referente aos efeitos fixos e outra referente aos efeitos aleatórios do modelo. Desta forma, a função densidade de probabilidade das observações é dada pela soma das funções densidade

de probabilidade de cada parte (Searle *et al.*, 1992). Considerando o modelo misto $y = X\beta + Za + e$, os estimadores REML são capazes de maximizar a função de verossimilhança de um vetor de combinações lineares das observações que são invariáveis para $X\beta$.

Mcculloch e Searle (2001) citam duas valiosas consequências em se utilizar o método REML. A primeira é que os componentes de variância são estimados sem serem afetados pelos efeitos fixos do modelo, e a segunda consequência é que os graus de liberdade para os efeitos fixos são levados em consideração, resultando em estimativas não-viciadas.

Duas diferenças marcantes entre os métodos REML e ML podem, então, ser destacadas. A primeira diz respeito a consideração dos graus de liberdade envolvidos nas estimativas dos efeitos fixos pelo método REML, e a segunda diferença se refere aos estimadores de efeitos fixos fornecidos pelo ML, fato que o REML, por si só não o faz. Contudo, Mcculloch e Searle (2001), relatam que parece haver um crescimento preferencial pelo método REML.

O método de estimação quadrática de norma mínima (MINQE) inclui uma série de métodos, dentre os quais se destacam o método de estimação quadrática não-viciada de norma mínima (MINQUE) e o método de estimação quadrática não-viciada de variância mínima (MIVQUE). Estes métodos se baseiam na estimação de funções quadráticas dos componentes de variância, por meio de formas quadráticas das observações.

O método MINQE apresenta como vantagens a não suposição de normalidade, e o fato das equações não precisarem ser resolvidas iterativamente. No entanto, a solução das equações depende do conhecimento a priori dos valores dos componentes de variância a serem estimados (Searle *et al.*, 1992).

Vários algoritmos podem ser utilizados para obtenção das estimativas dos componentes de variância pelo método REML, e segundo Resende (2002b), podem ser agrupados de acordo com a ordem das derivadas da função de verossimilhança utilizadas, nas seguintes classes: (i) não derivativo (DF-REML), baseado em procura direta; (ii) baseado em derivadas parciais de primeira ordem (EM-REML); e (iii) baseado em derivadas parciais de primeira e segunda ordens (AL-REML).

O algoritmo EM (Expectation-Maximization), apresentado por Henderson (1986), baseia-se num processo iterativo, em que o ponto de máximo é obtido pela derivação da função densidade de probabilidade. Este algoritmo é mais eficiente quando o número de parâmetros a ser estimado é grande. No entanto, para isso requer um grande esforço computacional, uma vez que envolve a inversão da matriz de variâncias e covariâncias das observações (Martins, 1995, Resende, 2000). Por outro lado, o algoritmo DF (Derivative-Free), proposto por Meyer (1989), é livre da derivação da função densidade de probabilidade, sendo mais vantajoso computacionalmente quando o número de parâmetros a ser estimado é pequeno, pois não requer a inversão da matriz de variâncias e covariâncias (Resende, 2000).

Inicialmente, os métodos ML e REML foram impraticáveis devido aos seus requerimentos computacionais. No entanto, atualmente existe uma gama de softwares computacionais que podem ser utilizados para a estimação REML de componentes de variância e predição de valores genéticos, simultaneamente, os quais têm sido desenvolvidos com o emprego dos algoritmos EM, DF e AL (Searle *et al.*, 1992; Charles e Searle, 2001; Resende, 2002b). Dentre outros, os softwares DFREML e ASREML e MTDFREML, são os mais utilizados no melhoramento de plantas perenes no Brasil. Os dois primeiros empregam o algoritmo AL, sendo os mais eficientes (Resende, 2000).

2.5.2. Predição de valores genéticos

No caso de os valores genéticos serem considerados como de efeitos fixos, o processo de estimação é feito pelo método dos quadrados mínimos ordinários (OLS), no caso de homogeneidade de variâncias, ou pelo método dos quadrados mínimos ponderados ou generalizados (GLS), no caso de heterogeneidade de variâncias. Resende *et al.* (1996) relatam que os métodos OLS e GLS superestimam os valores genéticos, devido ao fato de não considerarem a herdabilidade, além de serem inflacionados pelos efeitos fixos do modelo. Sendo assim, as técnicas de estimação baseadas no método de quadrados mínimos, não são as mais

recomendadas para a aplicação ao melhoramento de plantas perenes ou semi-perenes, como a cana-de-açúcar.

Um critério utilizado para derivar um preditor é o mínimo quadrado médio, sendo o resultado, o que se denomina “melhor preditor”. O termo “melhor” neste caso é utilizado quando o preditor apresenta o mínimo quadrado médio do erro de predição, o qual é diferente do usual significado de “melhor”, no sentido de variância mínima, a qual é utilizada como critério para estimar um parâmetro (Searle *et al.*, 1992; Mcculloch e Searle, 2001).

Supondo que y e a sejam vetores de variáveis aleatórias, conjuntamente distribuídas, e ainda que y seja observável e a não observável, é de interesse predizer o valor de a a partir do valor observado y (Searle *et al.*, 1992; Resende *et al.*, 2002b). Neste caso três procedimentos de predição são disponíveis (Henderson, 1984): melhor predição (BP), melhor predição linear (BLP) e melhor predição linear não viciada (BLUP), os quais fornecem melhores preditores, melhores preditores lineares e melhores preditores lineares não-viciados, respectivamente.

O procedimento BP é disponível quando se conhece todos os parâmetros da distribuição conjunta de a e y ; ou seja, quando se conhece $f(y, a)$. Por outro lado, os procedimentos BLP e BLUP são melhores em situações em que se conhecem alguns dos parâmetros de $f(y, a)$. No BLP, apenas os primeiro (média) e segundo (variância) momentos são supostos conhecidos, e no BLUP apenas o segundo momento é suposto conhecido. Em resumo, a predição pode ser efetuada pelo menos em três situações distintas, as quais exigem, em ordem, BP, BLP e BLUP: (a) iguais quantidades e precisões das informações associadas a todos os candidatos à seleção, primeiros e segundos momentos estimados com precisão; (b) diferentes quantidades e precisões das informações associadas aos candidatos à seleção, primeiros e segundos momentos conhecidos ou estimados com precisão; (c) diferentes quantidades e precisões das informações associadas aos candidatos à seleção, segundos momentos conhecidos ou estimados com precisão, primeiros momentos não conhecidos ou não estimados com precisão pelo método dos quadrados mínimos ordinários (Resende *et al.*, 1996).

Conforme enfatizado por Resende (2002b), para predição de a a partir de y , deve-se encontrar uma função ($f(y)$) de y tal que a esperança do valor predito de a menos o seu valor real ($E(\hat{a} - a)$) seja mínima. E esta função é $E(a|y)$, ou seja, o melhor preditor de a é a média condicional de a dado y . Segundo Searle *et al.* (1992), uma vez que o preditor calculado como $E(a|y)$ é “melhor”, este apresenta menor quadrado médio do erro de predição, além de apresentar baixa variância, sendo devido a esta segunda característica, denominado também, estimador shrinkage.

Para a derivação da média condicional $E(a|y)$, é necessário o conhecimento da distribuição conjunta de a e y . Deste modo, considerando distribuição normal multivariada entre a e y , o preditor é o seguinte:

$$\hat{a} = E(a|y) = \mu_a + C'V^{-1}(y - \mu_y)$$

em que:

$\mu_a = E(a)$: média de a

$\mu_y = E(y)$: média de y

C e V : matrizes de covariância entre a e y e de variância de y , respectivamente.

O preditor BPL é idêntico ao preditor BP sendo, no entanto, derivado sem a suposição de normalidade. Além disso, sua adequação depende da adequação do método OLS de estimação dos efeitos fixos (Searle *et al.*, 1992). Considerando que o preditor BP seja linear em y , da forma $\hat{a} = a + By$, para um vetor a e matriz B , tem-se:

$$\hat{a} = \mu_a + C'V^{-1}(y - \mu_y)$$

Assim, restringindo o preditor a ser linear, a forma de distribuição de y não necessita ser conhecida, mas apenas o primeiro e segundo momentos.

O preditor BLP apresenta as seguintes propriedades: (i) maximização da correlação entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros; (ii) minimização do quadrado da diferença entre os valores genéticos preditos e

os verdadeiros; (iii) maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre dois indivíduos; (iv) maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre vários indivíduos; e (v) maximização do ganho genético por ciclo de seleção (Resende, 1996; Resende 2002b).

Além de todas as propriedades desejáveis apresentadas pelo BLP, os preditores BLUP possuem, adicionalmente, não-vício na predição dos efeitos aleatórios e equivalência entre a média dos verdadeiros valores genéticos dos indivíduos selecionados e a média dos seus valores preditos (Resende, 2002b). O procedimento BLUP estima também, de forma mais precisa, os efeitos fixos do modelo linear misto (estimativa BLUE), a qual é realizada empregando-se o procedimento de mínimos quadrados generalizados (GLS) e não o procedimento de mínimos quadrados ordinários (OLS) como no BLP (Resende *et al.*, 2000). Esta última característica permite que o BLUP, seja aplicado, mais eficientemente, em situações de desbalanceamento e/ou conexão entre experimentos, situações estas em que a estimação GLS dos efeitos fixos é melhor que a OLS (Resende *et al.*, 1996).

Considerando que μ_y seja não conhecido, o preditor é forçado a ser não-viciado e é dado por:

$$\hat{a} = \mu_a + C'V^{-1}(y - X\hat{\beta})$$

em que:

$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$: estimador de quadrados mínimos generalizados (GLS) ou melhor estimador linear não-viciado (BLUE) do vetor (β) de efeitos fixos;

X : matriz de incidência para β .

Nota-se que, o preditor BLUP é o mesmo do BLP, porém substituindo-se μ_y por $X\hat{\beta}$, onde o método GLS, para a estimação BLUE de β , leva em consideração a influência de parentesco (correlação) entre os candidatos à seleção na estimativa dos efeitos fixos, por meio da matriz V.

A obtenção de $\hat{\beta}$ e $\hat{a}$ implicam em inversão de uma matriz (C), dos coeficientes das equações de modelo misto. Devido ao fato de na prática, as dimensões desta matriz apresentar ordem muito elevada, a inversão fica impossibilitada. Neste caso, recomenda-se a resolução do sistema de equações lineares por meio de métodos iterativos a partir de vetores iniciais β_0 e a_0 (Resende, 2002b).

As propriedades dos preditores BLUP só são asseguradas quando se assume que os componentes de variância são conhecidos. Assim, os componentes de variância devem ser estimados da maneira mais fidedigna possível, para que as estimativas possam substituir adequadamente os valores paramétricos (Searle *et al.*, 1992). Como relatado por Resende (2002b), devido ao fato, de na prática, os primeiros e segundos momentos não serem conhecidos, mas sim estimados dos dados amostrais, a rigor, nas aplicações práticas não se tem BLP e BLUP, mas sim EBLP e EBLUP, o que significa BLP e BLUP empíricos, respectivamente. Desta forma, os modelos mistos considerados em um determinado estudo devem ser ajustados com o menor número possível de parâmetros, a fim de reduzir os erros associados às soluções para os valores genéticos.

De acordo com Resende *et al.* (1996), o BLUP individual introduziu profundas modificações na estimação de componentes de variância e de parâmetros genéticos, onde as covariâncias entre parentes, anteriormente estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas gerando os componentes de variância, foram substituídas pelos componentes de variância estimados diretamente como as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto.

Resende *et al.* (1996) compararam cinco procedimentos de estimação/predição de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. Em situações de dados balanceados e homogeneidade de variâncias genética e ambiental, os métodos OLS, GLS, BP, BLP e BLUP foram equivalentes para efeitos de ordenamento de genótipos, embora tal constatação não tenha sido válida para estimação/predição de valores genéticos e ganhos genéticos. Nas demais situações, os cinco procedimentos tenderam a conduzir a ordenamentos diferentes. Em geral, foram melhores os seguintes métodos, em ordem decrescente: BLUP, BLP, BP, GLS e OLS.

Um dos procedimentos atualmente utilizados na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos para dados desbalanceados, como ocorre em cana-de-açúcar, é o REML/BLUP (Resende *et al.*, 1996).

Em espécies perenes, a seleção propriamente dita deve basear-se nos valores genéticos aditivos (quando o interesse é a propagação sexuada dos indivíduos selecionados) e genotípicos (quando o interesse é a propagação assexuada dos indivíduos selecionados) preditos de todos os indivíduos avaliados em campo. As técnicas ótimas de avaliação genética envolvem simultaneamente a predição de valores genéticos e genotípicos e a estimação de componentes de variância, sob modelos estatísticos em nível de indivíduos (Resende, 2002b). Com este propósito as equações de modelo misto são prontamente aplicáveis e, portanto, de grande utilidade prática no melhoramento genético.

O modelo geral de estimação REML e Predição BLUP apresentado por Henderson (1984) e enfatizado por Resende (2002b) é o seguinte:

$$y = Xb + Za + e$$

com as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\begin{array}{ll} a \sim N(0, G) & E(y) = Xb \\ a \sim N(0, R) & \text{Var}(y) = V = ZGZ' + R \end{array}$$

em que:

y: vetor dos dados observáveis no experimento ($N \times 1$);

X: matriz de valores conhecidos ($N \times p$), denominada matriz de incidência, a qual associa os elementos de b ao vetor y;

b: vetor desconhecido, associado aos efeitos fixos ($p \times 1$);

Z: matriz de incidência de valores conhecidos ($N \times q$), a qual associa os elementos de a ao vetor y;

a: vetor aleatório não observável ($q \times 1$), de efeitos aleatórios;

e: vetor aleatório não observável ($N \times 1$), associado aos efeitos residuais (erro experimental);

G: matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios;

R: matriz de variância-covariância dos erros aleatórios;

0: vetor nulo.

As matrizes G e R são positivas definidas por hipótese, e portanto, não singulares, e suas dimensões dependem do delineamento experimental empregado. Assumindo como conhecidas essas matrizes, a simultânea estimação dos efeitos fixos e predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas pelas equações de modelo misto fornecidas por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

A solução deste sistema para $\hat{b}$ e $\hat{a}$ conduz a resultados idênticos aos obtidos por:

$\hat{b} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$: estimador de quadrados mínimos generalizados (GLS) ou melhor estimador linear não viciado (BLUE) de b;

$\hat{a} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{b}) = CV^{-1}(y - X\hat{b})$: melhor preditor linear não viciado (BLUP) de a; em que $C = GZ' =$ matriz de covariância entre a e y.

A solução das equações de modelo misto depende do conhecimento das matrizes de variância-covariância, cuja estrutura é conhecida, porém seus componentes não o são. Desse modo, torna-se necessário substituí-los por suas estimativas. Ao se considerar os valores das matrizes G e R como desconhecidos, os componentes de variância a elas associadas podem ser estimados, eficientemente, empregando-se o procedimento REML (Searle *et al.*, 1992).

Exceto por uma constante, a função de verossimilhança restrita a ser maximizada é dada por:

$$\begin{aligned} L &= -\frac{1}{2} (\log|XH^{-1}X| + \log|H| + v \log \sigma_e^2 + y'Py/\sigma_e^2) \\ &= -\frac{1}{2} (\log|C| + \log|R| + \log|G| + v \log \sigma_e^2 + y'Py/\sigma_e^2) \end{aligned}$$

em que:

$$H = R + ZGZ'; \quad P = H^{-1} - H^{-1}X (X'H^{-1}X)^{-1}X'H^{-1};$$

$v = N - r(x)$: graus de liberdade, em que N é o número total de dados e $r(x)$ é o posto da matriz X ;

C^* : matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. População base

A população base para este estudo foi obtida a partir do cruzamento entre as cultivares RB72454 e RB83102. Esta população foi utilizada por duas razões essenciais. A primeira diz respeito à importância, tanto comercial quanto genealógica, das duas cultivares utilizadas como genitores. A relação das cultivares empregadas, com seus respectivos genitores pode ser observada na Tabela 1. Além disso, as cultivares RB72454 e RB83102 deram origem a diversas outras cultivares amplamente utilizadas atualmente. Segundo dados apresentados pelo Censo Varietal do CTC (Centro de Tecnologia Canavieira, 2005), no ano de 2004 a cultivar RB72454 foi a segunda mais plantada no estado de São Paulo (11.7% da área total). A segunda razão por se utilizar a referida população se deveu à quantidade de sementes originada por este, as quais possibilitaram o desenvolvimento de um número suficientemente grande de seedlings a serem avaliados.

O cruzamento foi realizado em 1998 na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro, município de Murici-AL, sob a responsabilidade da Universidade Federal de Alagoas - UFAL. A estação situa-se à latitude 9°13'S, longitude 35°50' W e a 450-500 m de altitude, onde a pluviosidade média é de pelo menos 2000 mm anuais e as temperaturas médias de 19,5° a 26,5°C. Estas condições climáticas tornam esta localidade muito propícia para o florescimento da maioria dos genótipos de cana-de-açúcar, bem como para boa fertilidade do pólen (Matsuoka *et al.*, 2005).

As sementes obtidas do cruzamento foram enviadas para o Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar – CECA, da Universidade Federal de Viçosa, o qual se localiza no município de Oratórios - MG, à latitude 20°25' S, longitude 42°48' W e à 494 m de altitude.

Em julho de 1998, no CECA, as sementes foram semeadas em casa de vegetação e, 20 a 30 dias após a semeadura os seedlings foram transplantados individualmente para saco plástico, contendo substrato com

areia, torta de filtro e terra de barranco peneirada, na proporção de 1:3:2, respectivamente.

Após a repicagem, os seedlings foram mantidos em telado com 50% de iluminação, objetivando a aclimação dos mesmos. Neste período, a cada 30 dias podou-se o terço superior das folhas das plântulas, até que ocorresse o transplântio definitivo para o campo.

3.2. Avaliação experimental

Dois experimentos foram instalados no CECA, sendo o primeiro (experimento I) referente à primeira fase de seleção, a qual é denominada de fase T1 no programa de melhoramento da cana-de-açúcar da RIDESA e o segundo experimento (experimento II) referente à denominada fase T2, a qual é composta por clones oriundos da fase T1. Os experimentos referentes às duas fases de seleção são detalhados nos tópicos a seguir.

3.2.1 Experimento I (Fase T1)

Em novembro de 1998, um total de 5298 seedlings foi transplantado para o campo, constituindo assim, a população base do primeiro experimento. Este campo corresponde à fase de seleção denominada T1. Nesta fase, os genótipos foram transplantados individualmente e espaçados a 0,5 metro no sulco de plantio. A adubação e tratos culturais foram realizados de acordo com aqueles recomendados para a cultura da cana-de-açúcar.

Visando permitir análise da cana-soca os seedlings foram cortados, sem seleção, em julho do ano subsequente, conforme procedimento empregado pelo Programa de Melhoramento de Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa (Barbosa e Silveira, 2000).

Vale ressaltar que, botanicamente, o termo “seedling” se refere apenas ao estágio de plântula, ou seja, antes da formação da terceira folha. No entanto, nos centros de melhoramento da cana-de-açúcar, convencionou-se considerar que o “seedling” representa também, o indivíduo que se encontra em desenvolvimento no campo originário da

plântula. Sendo assim, um indivíduo avaliado na primeira fase de seleção é também denominado “seedling”.

3.2.1.1. Amostragem

A obtenção de genótipos para instalação do experimento II (fase T2), o qual será relatado posteriormente, foi realizada em junho de 2000, na soca do experimento I, por meio de amostragens. Para definição dos tratamentos que constituíram o experimento II, foram amostrados 130 genótipos conforme critério a seguir:

Tratamento 1 = genótipos que apresentaram 2, 3 ou 4 colmos na touceira;

Tratamento 2 = genótipos que apresentaram 5, 6 ou 7 colmos na touceira;

Tratamento 3 = genótipos que apresentaram 8, 9 ou 10 colmos na touceira;

Tratamento 4 = genótipos que apresentaram 11, 12 ou 13 colmos na touceira e;

Tratamento 5 = genótipos que apresentaram mais de 14 colmos na touceira.

A amostragem de genótipos na fase T1 que constituíram os tratamentos da fase T2, conforme mencionada anteriormente, se baseou no número de colmos presente na touceira, devido ao fato de que nesta fase, no momento da seleção individual, surgirem dúvidas a respeito da relação entre esta característica e a produtividade final do genótipo selecionado.

3.2.1.2. Coleta de dados em nível de touceiras

Para cada touceira amostrada no experimento I, foram avaliados, na primeira soca os seguintes caracteres:

- a) Altura do colmo (AC): mensurada com auxílio de régua graduada em centímetros, medido da base do colmo até o primeiro “dewlap” visível;

- b) Diâmetro do colmo (DIA): mensurado com auxílio de paquímetro, tendo sido a amostragem feita no quinto entrenó, contando da base para o ápice do colmo;
- c) Número de colmos por touceira (NC): contagem dos colmos industrializáveis de cada touceira;
- d) Brix % caldo (Brix): o caldo foi extraído em perfuração feita no quinto entrenó, contando da base para o ápice do colmo, sendo o Brix determinado com auxílio de refratômetro de campo.

Para quantificar os caracteres Brix, Dia e AC foram avaliados, ao acaso, três colmos industrializáveis por touceira, enquanto que o NC foi constituído por dado único.

Os genótipos amostrados anteriormente, foram plantados em junho de 2000, em parcelas de 1 sulco de 4 metros de comprimento. Em fevereiro de 2001, todos os genótipos foram novamente multiplicados, em parcelas de 1 sulco de dez metros de comprimento, visando à obtenção de mudas para a instalação do experimento II.

O fluxograma apresentado a seguir (Figura 1) ilustra todo o processo de instalação dos experimentos, bem como a coleta de dados nos mesmos.

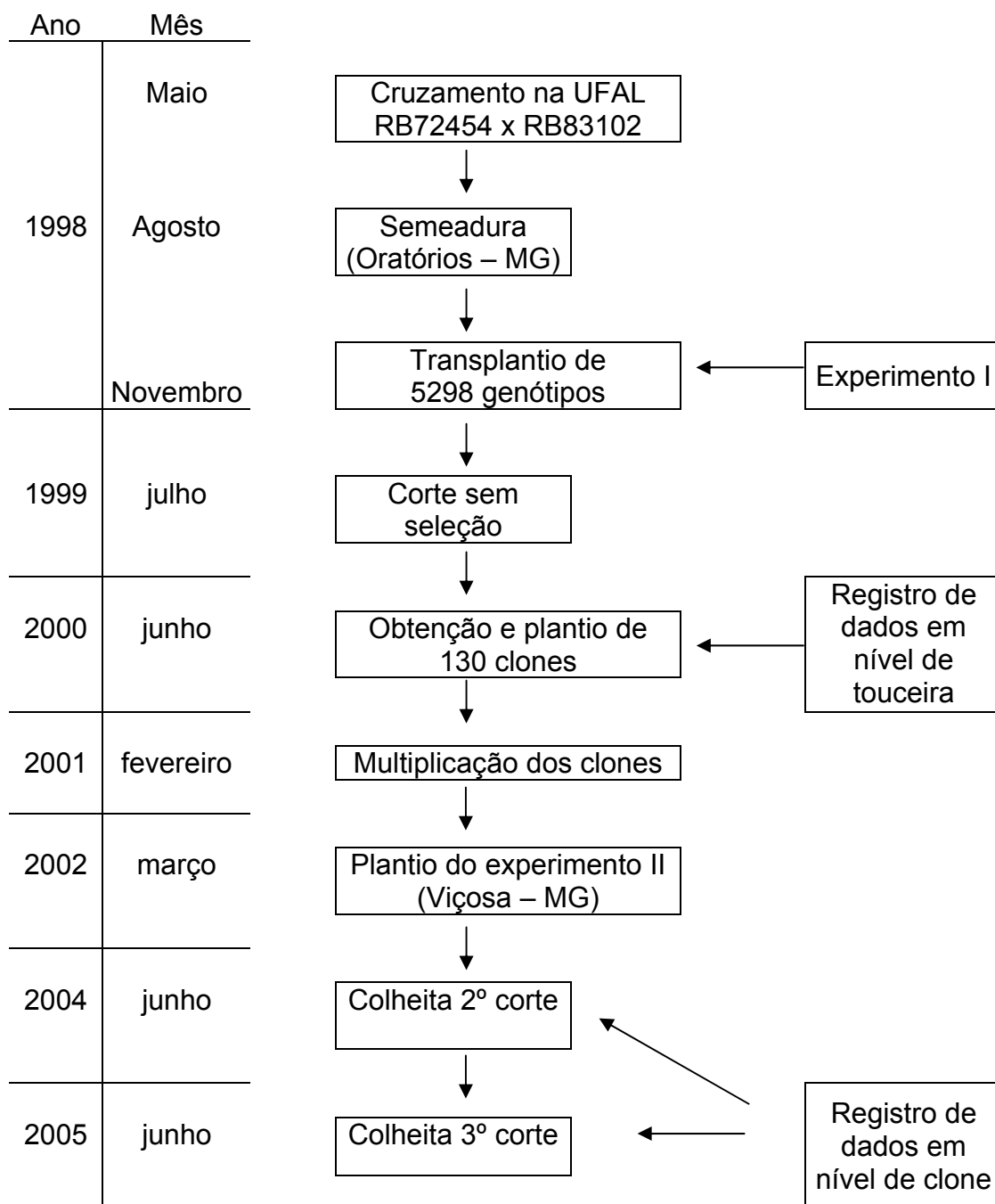


Figura 1. Esquema de obtenção das sementes para instalação do experimento I (Fase T1), processos para a obtenção dos clones para instalação do Experimento II (Fase T2) e épocas de avaliação dos caracteres considerados em ambas as fases de seleção.

3.2.2. Experimento II (Fase T2)

O experimento II, o qual corresponde à fase T2, foi instalado em março de 2002, com mudas dos genótipos amostrados do estádio de cana soca do experimento I. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados composto pelos cinco tratamentos descritos anteriormente e cinco repetições. Cada tratamento foi constituído de 30 genótipos, correspondente a 26 clones e quatro cultivares-padrão, como pode ser observado pela Tabela 1. Cada genótipo foi plantado em dois sulcos de 3 metros de comprimento, espaçados entre si a 1,40 metros. Os experimentos foram envolvidos por bordaduras em todos os lados. A adubação e tratos culturais foram realizados de acordo com aqueles recomendados para a cultura da cana-de-açúcar.

3.2.2.1. Coleta de dados em nível de clones

O experimento II, em cana-planta, não foi avaliado, tendo sido cortado em julho de 2003. No mês de junho de 2004 e 2005, correspondentes a primeira e segunda soca, respectivamente, em cada parcela foram avaliados os seguintes caracteres:

- a) Altura do colmo (AC);
- b) Diâmetro do colmo (DIA);
- c) Brix % caldo (Brix);
- d) Número de colmos por metro (NCM): obtido pela razão entre o número total de colmos industrializáveis por parcela pelo comprimento da mesma, ou seja, 6,00 m;
- e) Toneladas de colmos por hectare (TCH): foi obtido o peso (kg) de todos os colmos de cada parcela, cortados manualmente, rente ao solo e despontados, e posteriormente, transformado para toneladas de colmos por hectare (TCH). Para estimar a TCH foi utilizada a seguinte equação: $(\text{peso total da parcela} \times 10) / 8.4$, onde 8.4 é a área útil da parcela em m^2 . A colheita de ambas as socas foram realizadas sem despalha prévia.

- f) Peso médio de colmos (PMC): obtido pela razão entre o peso (kg) total de colmos da parcela pelo número total de colmos da mesma;
- g) Toneladas de Brix por hectare (TBH): obtida pela seguinte expressão: $(TCH \times \text{Brix médio})/100$.
- h) Produção estimada de colmos por parcela (PE): a produção de colmos por parcela foi estimada por meio da seguinte expressão (Chang e Milligan, 1992):

$$PE = \pi \times NC \times AC \times (DIA/2)^2 \times d ,$$

onde PE é dada em kg e a densidade (d) = 1000 kgm^{-3} .

Para os caracteres Brix, DIA e AC, as avaliações foram realizadas conforme descrito anteriormente, para o experimento I, tendo sido avaliados, no entanto, cinco colmos industrializáveis, tomados ao acaso, por parcela.

Tabela 1 – Relação dos genótipos e cultivares-padrão avaliados nos experimentos I (fase T1) e II (fase T2).

RB987503	RB987544	RB987582	RB987637
RB987504	RB987545	RB987584	RB987638
RB987505	RB987547	RB987585	RB987640
RB987506	RB987548	RB987586	RB987641
RB987507	RB987549	RB987587	RB987644
RB987508	RB987550	RB987588	RB987645
RB987509	RB987551	RB987590	RB987646
RB987510	RB987552	RB987591	RB987647
RB987511	RB987553	RB987592	RB987648
RB987514	RB987554	RB987593	RB987649
RB987515	RB987555	RB987595	RB987651
RB987516	RB987556	RB987596	RB987652
RB987517	RB987557	RB987597	RB987653
RB987518	RB987558	RB987598	RB987656
RB987521	RB987559	RB987600	RB987657
RB987522	RB987560	RB987602	RB987659
RB987524	RB987561	RB987606	RB987661
RB987525	RB987563	RB987607	RB987662
RB987526	RB987564	RB987608	RB987663
RB987527	RB987565	RB987609	RB987665
RB987528	RB987566	RB987610	RB987666
RB987529	RB987567	RB987612	RB987667
RB987530	RB987569	RB987613	RB987670
RB987531	RB987570	RB987614	RB987671
RB987532	RB987571	RB987619	RB987672
RB987533	RB987572	RB987620	RB987673
RB987534	RB987573	RB987623	RB987674
RB987535	RB987574	RB987625	RB987677
RB987536	RB987575	RB987627	RB72454*
RB987537	RB987576	RB987628	RB855536'
RB987538	RB987577	RB987630	SP80-1816
RB987539	RB987578	RB987634	RB928064'
RB987541	RB987579	RB987635	
RB987542	RB987580	RB987636	

* Cultivares-padrão

3.3. Análises estatísticas

3.3.1. Estimativas dos parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos

As análises estatísticas referentes ao conjunto de dados registrados na fase T1 para as variáveis AC, DIA e Brix, e ao conjunto de dados registrados para as variáveis da fase T2, foram realizadas pelo procedimento REML/BLUP, onde os componentes de variância são estimados pela máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viesada (BLUP), conforme enfatizado por Resende (2002b). As estimativas dos parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos do NC da fase T1 não foram efetuadas, devido ao fato de para esta variável ter sido realizada apenas uma observação por touceira. Sendo assim, no cálculo das estimativas de coeficientes de correlação genotípica envolvendo o NC da fase T1, foram utilizados os próprios valores fenotípicos.

As análises genético-estatísticas foram realizadas por meio do software computacional Selegen - REML/BLUP (Resende, 2002a e 2002b), o qual foi desenvolvido para servir de base ao melhoramento genético florestal. Todavia, este software pode ser utilizado para a seleção genética de quaisquer indivíduos pertencentes a espécies vegetais perenes ou semi-perenes, como espécies frutíferas, e animais. O sistema se fundamenta em algoritmos, que maximizam a eficiência da seleção em diferentes situações experimentais. A versão atual do software atende de maneira ótima aos casos de dados desbalanceados e balanceados, e possui cerca de 150 métodos de seleção, viabilizando, de acordo com os objetivos da seleção, um máximo aproveitamento das diversas variáveis avaliadas nos indivíduos. A seleção é baseada nos valores genéticos aditivos (no caso de propagação sexuada) e genotípicos (no caso de propagação assexuada) preditos de cada indivíduo.

Ao adotar modelos ao nível individual, o software Selegen – REML/BLUP fornece: (i) valores genéticos aditivos e de dominância preditos; (ii) valores genotípicos preditos; (iii) estimativas de componentes de

variância; (iv) ordenamento dos candidatos a seleção segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; (v) estimativas de ganhos genéticos; (vi) estimativas do tamanho efetivo populacional; (vii) estimativas da interação genótipos x ambientes; (viii) estimativas do valor genético de cruzamentos. Abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso, látice e blocos aumentados, os delineamentos de cruzamentos em polinização aberta e controlada, bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas. Pode ser utilizado para plantas alógamas, autógamas e com sistema reprodutivo misto. Direcionado a espécies perenes e semi-perenes, pode também ser empregado em espécies anuais (Resende, 2002a).

Para análise utilizando o software Selegen – REML/BLUP é necessário criar um arquivo de dados, o qual apresenta uma seqüência de colunas específica ao modelo considerado. O arquivo deve ser salvo diretamente no Excel com extensão prn ou .txt (texto-DOS), dentro de um sub-diretório reservado ao software. Após a definição do nome do arquivo, deve ser informado ao programa: (i) se os valores nulos serão desconsiderados (plantas mortas) ou não; (ii) se os valores genéticos serão preditos isoladamente (procedimento BLUP) ou se a estimação de componentes de variância e a predição de valores genéticos (procedimento REML/BLUP) serão realizadas simultaneamente; (iii) o número de variáveis presentes no arquivo; (v) a ordem da variável a ser analisada; (vi) o modelo de análise de acordo com a estrutura de experimentação e tipo de material genético utilizado; (vii) os valores iniciais para a herdabilidade e outros parâmetros (coeficiente de determinação dos efeitos de parcela – c^2 , etc); e (viii) a taxa de erro no processo de convergência para a herdabilidade e componentes c^2 .

Neste trabalho os valores nulos foram desconsiderados, e a estimação de componentes de variância e a predição de valores genotípicos foram realizadas simultaneamente (procedimento REML/BLUP). Dois modelos de análise foram considerados, ou seja, o modelo 20 (teste de clones no delineamento de blocos ao acaso com uma planta por parcela) e o modelo 123 (modelo genérico que ajusta um fator de efeitos fixos e três

fatores de efeitos aleatórios), os quais foram utilizados para analisar o conjunto de dados referente às variáveis Brix, DIA e AC da fase T1 e as variáveis da fase T2, respectivamente. Os valores iniciais considerados para os parâmetros e para a taxa de erro foram de 0,1 e 0,00001, respectivamente.

Os modelos 20 e 123 são descritos abaixo (Resende, 2002a, 2002b).

3.3.1.1. Modelo 20 - Utilizado para análise do experimento I (Fase T1)

Este modelo é adequado para análise de delineamentos em blocos ao acaso, teste de clones não aparentados e uma planta por parcela. Entretanto, o vetor de blocos foi usado para contemplar as medidas repetidas (no espaço) realizadas em cada touceira, amostrando-se vários colmos (aqui denominados como blocos). Dessa forma, os efeitos genóticos preditos não são completamente livres de efeitos ambientais, mas contemplam também efeitos de ambiente permanente de cada touceira, associados aos vários colmos em uma mesma touceira. Também, a rigor, o parâmetro herdabilidade no sentido amplo (h^2_g), deve ser interpretado como repetibilidade.

O modelo estatístico é dado por:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + e_{ijk} \quad (1)$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco

μ : média geral do experimento

g_i : efeito aleatório do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, G$)

b_j : efeito fixo do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, B$)

e_{ijk} : resíduo ou erro ambiental

O arquivo de dados para análise utilizando o modelo 20 apresentou a seguinte seqüência de colunas:

Indivíduo, Genótipo, Bloco, Árvore, Variáveis.

A coluna referente a indivíduo variou de 1 a N, sendo N o número total de observações do experimento. A coluna referente à árvore, utilizada em experimentos de espécies florestais, a qual se refere também ao número de observações por parcela, foi preenchida com o valor 1.

Em relação ao arquivo de resultados pelo modelo 20, os seguintes componentes de variância (REML individual) e componentes de média (BLUP individual) são fornecidos:

1. Componentes de variância

V_g : variância genotípica

V_e : variância residual (ambiental)

V_f : variância fenotípica individual

h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos

h^2_{mc} : herdabilidade da média de clone, assumindo estande completo

A_{cclon} : acurácia da seleção de clones, assumindo estande completo

m: média geral do experimento.

2. Componentes de média

É fornecido pelo programa um arquivo de resultados contendo um total de 5 colunas, nas quais se encontram a ordem e identificação dos genótipos avaliados, os efeitos genotípicos ($g = a + d$), os valores genotípicos preditos ($\mu + g$), ganhos genéticos e a média da população melhorada.

Modelo linear misto

O modelo estatístico (1) pode ser matricialmente representado por:

$$y = Xb + Zg + e$$

em que:

y, b, g e e: vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), de efeitos genotípicos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente;

X e Z: matrizes de incidência para b e g, respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$y | b, V \sim N(Xb, V)$$

$$g | G, \sigma^2_G \sim N(0, \sigma^2_g)$$

$$e | \sigma^2_e \sim N(0, I \sigma^2_e)$$

$$\text{Cov}(g, e') = 0$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{w} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_a^2 - c^2}{h_a^2}$$

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido amplo do bloco};$$

σ_g^2 = variância genotípica;

σ_e^2 = variância residual ou ambiental.

Estimadores iterativos de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{g}' Z'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}] / q$$

C^{22} : advém da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr: operador traço matricial;

$r(x)$: posto da matriz X;

N, q: número total de dados e de genótipos, respectivamente.

3.3.1.2. Modelo 123 - Utilizado para análise do experimento II (fase T2)

O modelo 123 é genérico e pode ser adequado para análise de delineamentos em blocos ao acaso, teste de clones, várias plantas por parcela e várias populações ou procedências dos clones. No presente caso, os clones procedem de diferentes classes quanto ao número de colmos. Essas classes foram denominadas de tratamentos.

O modelo estatístico é dado por:

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + p_k + b_j + t_l + e_{ijkl} \quad (2)$$

em que:

Y_{ijkl} : valor observado do i-ésimo clone na k-ésima parcela do j-ésimo bloco do l-ésimo tratamento;

μ : média geral do experimento;

g_i : efeito aleatório do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, G$);

p_k : efeito aleatório da k-ésima parcela ($k = 1, 2, \dots, P$);

b_j : efeito fixo do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, B$);

t_l : efeito aleatório do l -ésimo tratamento ($l = 1, 2, \dots, T$);

e_{ijkl} : resíduo ou erro ambiental.

O arquivo de dados para análise utilizando o modelo 123 apresentou a seguinte seqüência de colunas:

Indivíduo, Clone, Bloco, Parcela, Tratamento, Planta, Variáveis.

Para melhor adequação do modelo 123 à situação real do experimento II, os três efeitos aleatórios genéricos (genótipo, parcela e tratamento) foram usados para ajustar os efeitos de clones, de parcela e de tratamento, respectivamente. No vetor de efeitos fixos foram ajustados os blocos completos. Uma vez que os tratamentos foram constituídos por genótipos amostrados do experimento I, quanto ao número de colmos, eles também têm origem genética, devendo seus efeitos ser tratados como aleatórios. Sendo assim, aos valores genotípicos preditos pelo modelo para o efeito aleatório 1 (clones) foram somados os efeitos de tratamentos, que são disponibilizados no arquivo de resultados da análise, com extensão .efe.

O arquivo de resultados pelo modelo 123 fornece os seguintes componentes de variância (REML individual) e componentes de média (BLUP individual):

1. Componentes de variância:

V1: variância associada aos efeitos do fator aleatório 1, equivalendo, no caso, à variância genotípica entre clones;

V2: variância associada os efeitos do fator aleatório 2, equivalendo, no caso, à variância ambiental entre subparcelas;

V3: variância associada os efeitos do fator aleatório 3, equivalendo, no caso, à variância entre tratamentos ou entre classes quanto ao número de colmos;

V_e : variância residual dentro de subparcelas (ambiental);

V_f : variância fenotípica individual

$c2e1 = h^2_g$: coeficiente de determinação dos efeitos do fator aleatório 1 ou herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

h^2_{mc} : herdabilidade da média de clone, assumindo estande completo;

$c2e2 = c^2_p$: coeficiente de determinação dos efeitos do fator aleatório 2, ou seja, dos efeitos de subparcela;

$c2e3 = c^2_{trat}$: coeficiente de determinação dos efeitos do fator aleatório 3, ou seja, dos efeitos de tratamentos;

A_{cclon} : acurácia da seleção de genótipos, assumindo estande completo;

m: média geral do experimento.

2. Componentes de média

Neste item, como observado para o modelo 20, é fornecido pelo programa um arquivo contendo a ordem e identificação dos clones avaliados (fator aleatório 1), efeitos genotípicos preditos, valores genotípicos preditos, ganhos genéticos e a média da população melhorada.

Modelo linear misto

O modelo estatístico (2) pode ser matricialmente representado por:

$$y = Xb + Zg + Wp + Qt + e$$

em que:

y, b, g, p, t, e: vetores de dados, de efeitos de blocos (fixos), de efeitos de genótipos (aleatórios), de efeitos de subparcelas (aleatórios), de efeitos de tratamentos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente;

X, Z, W e Q: matrizes de incidência para b, g, p e t, respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$y | b, V \sim N(Xb, V)$$

$$g | \sigma_g^2 \sim N(0, \sigma_g^2)$$

$$p | \sigma_p^2 \sim N(0, I \sigma_p^2)$$

$$t | \sigma_t^2 \sim N(0, I \sigma_t^2)$$

$$e | \sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(g, t') = 0; \quad \text{Cov}(g, p') = 0; \quad \text{Cov}(g, e') = 0;$$

$$\text{Cov}(p, t') = 0; \quad \text{Cov}(p, e') = 0; \quad \text{Cov}(t, e') = 0$$

ou seja,

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ t \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ t \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WP & QT & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ PW' & 0 & P & 0 & 0 \\ QT' & 0 & 0 & T & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

$$G = \sigma_g^2$$

$$T = I \sigma_t^2$$

$$P = I \sigma_p^2$$

$$R = I \sigma_e^2; e$$

$$V = Z\sigma_a^2 Z' + WI \sigma_p^2 W' + QI \sigma_p^2 Q' + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WPW' + QTQ' + R$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'Q \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W & Z'Q \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'Q \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{p} \\ \hat{t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \end{bmatrix}$$

em que:

$$\lambda_1 = \sigma_e^2 / \sigma_g^2 = (1 - h^2 - p^2 - t^2) / h^2; \quad \lambda_2 = (1 - h^2 - p^2 - t^2) / p^2;$$

$$\lambda_3 = (1 - h^2 - p^2 - t^2) / t^2$$

$h^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_t^2 + \sigma_e^2)$: herdabilidade individual no sentido amplo do bloco;

$p^2 = \sigma_p^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_t^2 + \sigma_e^2)$: correlação devida ao ambiente comum da subparcela;

$t^2 = \sigma_t^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_t^2 + \sigma_e^2)$: proporção da variância fenotípica total explicada pelo efeito de tratamentos;

σ_g^2 : variância genotípica entre clones;

σ_p^2 : variância ambiental entre parcelas;

σ_t^2 : variância entre tratamentos;

σ_e^2 : variância residual.

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML, via algoritmo EM

$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{p}' W'y - \hat{t}' Q'y] / [N - r(x)]$: estimativa da variância residual;

$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})] / q$: estimativa da variância genotípica;

$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}' \hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{33})] / s$: estimativa da variância entre parcelas;

$\hat{\sigma}_t^2 = [\hat{t}' \hat{t} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{44})] / \eta$: estimativa da variância entre tratamentos.

em que:

C^{22}, C^{33} e C^{44} : advêm da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr : operador traço matricial;

$r(x)$: posto da matriz X;

N, q, s e η : número total de dados, de clones, de parcelas e de tratamentos, respectivamente.

3.3.2. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica

De posse dos valores genotípicos preditos pelo procedimento BLUP dos caracteres avaliados em ambas as fases de seleção, obteve-se estimativas dos coeficientes de correlação genotípica. As seguintes classes de correlação foram obtidas:

- a) Correlação genotípica de caracteres avaliados entre as fases T1 e T2;
- b) Correlação genotípica entre caracteres avaliados na fase T2.

Os coeficientes de correlação genotípica foram obtidos pela seguinte expressão (Falconer, 1964):

$$r_{g(XY)} = \frac{\text{Cov}_{G(XY)}}{\sqrt{\sigma^2_{G(X)} \sigma^2_{G(Y)}}}$$

em que:

$\text{Cov}_{G(xy)}$: covariância genotípica entre o caráter X avaliado na fase T1 e o caráter Y avaliado na fase T2, ou ainda covariância entre os caracteres X e Y, ambos avaliados na fase T2.

$\sigma^2_{G(X)}$ e $\sigma^2_{G(Y)}$: variância genotípica do caráter X avaliado na fase T1 e do caráter Y avaliado na fase T2, respectivamente, ou ainda variância genotípica dos caracteres X e Y, ambos avaliados na fase T2.

A significância estatística dos coeficientes de correlação foi testada pelo teste t, ao nível de 1% e 5% de probabilidade, utilizando-se o software GENES (Cruz, 2004).

3.3.3. Avanços genéticos, proporções mínimas de seleção, porcentagens de coincidências de seleção entre as fases T1 e T2 e teste de médias para o efeito de tratamentos

A partir dos valores genotípicos preditos pelo procedimento BLUP também se obteve os avanços genéticos para cada caráter avaliado nas fases T1 e T2, as proporções mínimas de seleção exigidas para os caracteres avaliados na fase T2, com base no desempenho das cultivares-padrão, e as porcentagens de genótipos que ao serem selecionados na fase T1 foram superiores na fase T2 (porcentagens de coincidência).

Para avaliar o efeito dos tratamentos descritos anteriormente para a fase T2, procedeu-se também com as análises de variâncias conforme modelo para blocos casualizados. A comparação entre médias dos tratamentos foi feita pelo teste Tukey ($\alpha=0.05$), utilizando-se o software SISVAR (Ferreira, 2000).

O modelo utilizado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor fenotípico observado;

m: média geral;

t_i : efeito do tratamento i (i = 1 a 5);

b_j : efeito do bloco j (j = 1 a 5);

e_{ij} : resíduo.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Teste de médias para os tratamentos considerados na fase T2

Na Tabela 2 é apresentado o teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade, para os tratamentos considerados na fase T2. Observou-se que não houve diferenças significativas entre as médias de tratamentos para os caracteres altura, diâmetro e peso médio do colmo (AC, DIA, PMC), Brix e produção estimada de colmos (PE). Este resultado era esperado, uma vez que não se praticou seleção para tais caracteres durante a obtenção dos clones na fase T1, utilizando-se como critério de amostragem para constituir os tratamentos, apenas o caráter número de colmos por touceira.

Ao se considerar os caracteres número de colmos por metro (NCM), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), observou-se, no entanto, que as médias de tratamentos diferiram entre si, confirmando a importância do caráter número de colmos para seleção visual na fase T1. Conforme relatado por Barbosa e Silveira (2000), no programa de melhoramento da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa selecionam-se na fase T1, plantas com pelo menos sete colmos na touceira, os quais são necessários para o plantio do experimento da fase T2, contendo os genótipos selecionados da fase T1, e avaliação para florescimento e chochamento. Logo, os resultados obtidos permitem confirmar a eficácia da prática que vem sendo adotada para seleção na fase T1, indicando também que em média, genótipos com menos de cinco colmos na touceira apresentariam tendência de ser menos produtivos, não devendo ser selecionados nem mesmo quando as demais características avaliadas forem favoráveis.

Dado a importância do número de colmos por touceira, como um dos componentes da produção de colmos, é relevante adotar estratégias no sentido de se maximizar a variabilidade genética para tal caráter. Nesse aspecto Vieira e Milligan (1999) observaram que o emprego de maior espaçamento entre plantas maximizou a herdabilidade para número e altura de colmos por touceira, ao passo que para diâmetro de colmos, o maior espaçamento não apresentou tal efeito.

Tabela 2. Médias fenotípicas para os caracteres altura de colmos (AC), Brix, diâmetro de colmos (DIA), peso médio do colmo (PMC), produção estimada de colmos (PE), número de colmos por metro (NCM), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH) de 130 clones agrupados em cinco tratamentos obtidos de acordo com o número de colmos contidos na touceira, na fase T1. Viçosa, 2006.

TRATAMENTOS ⁽¹⁾	CARACTERES							
	AC	BRIX	DIA	PMC	PE	NCM	TBH	TCH
1	2,61	19,54	3,00	1,79	38,12	8,77 a	21,30 a	107,66 a
2	2,65	19,77	2,97	1,89	42,46	9,91 b	25,75 b	129,37 b
3	2,70	19,33	2,96	1,87	42,72	10,07 b	25,38 b	130,74 b
4	2,67	20,00	2,81	1,77	41,07	11,11 b	26,82 b	134,16 b
5	2,78	19,77	2,85	1,83	46,74	12,02 c	29,48 c	149,62 c
Média geral	2,68	19,68	2,92	1,83	42,22	10,38	25,75	130,31
QM t ⁽²⁾	0,0195 ^{ns}	0,3345 ^{ns}	0,0346 ^{ns}	0,0128 ^{ns}	48,5172 ^{ns}	7,6733 ^{**}	43,7741 ^{**}	1126,9042 ^{**}
CV ⁽³⁾	5,65	3,58	4,00	14,07	14,12	9,78	11,86	12,83

** : significativo a 5 % de probabilidade pelo teste F.

ns: não significativo.

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si a 5% de probabilidade pelo teste Tukey.

(1): Tratamento 1: touceiras com 2, 3 e 4 colmos; Tratamento 2: touceiras com 5,6 e 7 colmos; Tratamento 3: touceiras com 8,9 e 10 colmos; Tratamento 4: Touceiras com 11, 12 e 13 colmos; Tratamento 5: touceiras com 14 ou mais colmos.

(2): QMt: Quadrado médio de tratamentos.

(3): CV: Coeficiente de variação.

4.2. Estimativas dos Parâmetros genéticos

O sucesso de qualquer programa de melhoramento depende, essencialmente, da quantidade de variabilidade genética existente na população base a ser explorada, da herdabilidade do caráter que está sendo melhorado e da extensão do ganho genético possível para este caráter. As estimativas dos parâmetros genéticos referentes à fase T1, primeiro corte, segundo corte e média dos cortes da fase T2 podem ser observadas nas tabelas 3, 4, 5 e 6, respectivamente.

Na fase T1 detectou-se relação CV_g/CV_e superior à unidade para os caracteres Brix e altura do colmo (AC) (1,42 e 1,38), refletindo uma situação favorável para estes dois caracteres, no que diz respeito à seleção. Similarmente Singh *et al.* (1981) relataram uma menor influência do ambiente nos caracteres AC e Brix, ao estudar 48 cultivares de cana-de-açúcar. Por outro lado, ao se considerar a média dos cortes da fase T2,

observou-se que a relação CV_g/CV_e foi inferior à unidade para todos os caracteres avaliados.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância genotípica (σ_g^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2) $\pm$ desvio, acurácia da seleção de genótipos (A_{cl}), relação coeficiente de variação genético (CV_g) / coeficiente de variação ambiental (CV_e) e da média geral (m), obtidas pelo procedimento REML/BLUP do “software” Selegen utilizando 130 genótipos de cana-de-açúcar na primeira fase de seleção (T1). Viçosa, 2006.

PARÂMETROS	CARACTERES ⁽¹⁾		
	BRIX	DIA	AC
σ_g^2	1,2867	0,0680	0,0700
σ_e^2	0,6343	0,0742	0,0367
σ_f^2	1,9210	0,1422	0,1068
h_g^2	0,6698	0,4785	0,6559
	$\pm 0,1174$	$\pm 0,0992$	$\pm 0,1161$
A_{cl}	0,9268	0,8565	0,9226
CV_g/CV_e	1,4243	0,9578	1,3807
m	23,27	2,75	2,51

(1) DIA: diâmetro de colmos; AC: altura de colmos.

Tabela 4. Estimativas dos componentes de variância genotípica entre clones (σ^2_g), variância ambiental entre parcelas (σ^2_p), variância dos tratamentos (σ^2_t), variância residual dentro de parcelas (σ^2_e), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade em nível de indivíduo no sentido amplo (h^2_g) $\pm$ desvio, herdabilidade da média de clone (h^2_{mc}), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_p), acurácia da seleção de clones (A_{cl}), coeficiente de determinação dos efeitos de tratamento (c^2_t), relação coeficiente de variação genético (CV_g) / coeficiente de variação ambiental (CV_e) e média geral (m), obtidas pelo procedimento REML/BLUP do “software” Selegen utilizando 130 genótipos de cana-de-açúcar, referentes ao segundo corte da segunda fase de seleção (T2). Viçosa, 2006.

PARÂMETROS	CARACTERES ⁽¹⁾							
	AC	DIA	BRIX	NCM	PMC	PE	TBH	TCH
σ^2_g	0,0480	0,0600	0,7718	5,3992	0,0800	201,4335	53,1397	1429,9718
σ^2_p	0,0004	0,0003	0,0126	0,6915	0,0046	24,9722	10,9492	276,0694
σ^2_t	0,0054	0,0039	0,0006	0,1988	0,0014	8,5806	2,5583	79,1073
σ^2_e	0,1985	0,1938	1,1831	9,4477	0,3024	482,3871	67,3373	1876,5013
σ^2_f	0,2523	0,2583	1,9682	15,7373	0,3884	717,3734	133,9844	3661,6498
h^2_g	0,1903	0,2334	0,3922	0,3431	0,2059	0,2808	0,3966	0,3905
	$\pm 0,0450$	$\pm 0,0503$	$\pm 0,0654$	$\pm 0,0610$	$\pm 0,0484$	$\pm 0,0552$	$\pm 0,0658$	$\pm 0,0651$
h^2_{mc}	0,2074	0,2944	0,7509	0,4233	0,4480	0,3780	0,3869	0,3592
c^2_p	0,0017	0,0010	0,0064	0,0439	0,0120	0,0348	0,0817	0,0754
A_{cl}	0,4554	0,5426	0,8665	0,6506	0,6693	0,6148	0,6220	0,5994
c^2_t	0,0212	0,0153	0,0003	0,0126	0,0036	0,0120	0,0190	0,0216
CV_g/CV_e	0,4913	0,5574	0,8034	0,7297	0,5104	0,6301	0,8239	0,8151
m	2,3060	2,4820	18,6069	10,1756	1,4541	59,2617	26,2679	139,3905

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio de colmos; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare (TCH).

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância genotípica entre clones (σ_g^2), variância ambiental entre parcelas (σ_p^2), variância dos tratamentos (σ_t^2), variância residual dentro de parcelas (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade em nível de indivíduo no sentido amplo (h_g^2) $\pm$ desvio, herdabilidade da média de clone (h_{mc}^2), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c_p^2), coeficiente de determinação dos efeitos de tratamento (c_t^2), acurácia da seleção de clones (A_{cl}), relação coeficiente de variação genético (CV_g) / coeficiente de variação ambiental (CV_e) e média geral (m), obtidas pelo procedimento REML/BLUP do “software” Selegen utilizando 130 genótipos de cana-de-açúcar, referentes ao terceiro corte da segunda fase de seleção (fase T2). Viçosa, 2006.

PARÂMETROS	CARACTERES ⁽¹⁾							
	AC	DIA	BRIX	NCM	PMC	PE	TBH	TCH
σ_g^2	0,0206	0,0485	0,3791	8,7557	0,0141	93,9650	63,8093	1469,8371
σ_p^2	0,0002	0,0004	0,0260	0,7694	0,0003	4,4334	7,4834	151,7304
σ_t^2	0,0009	0,0113	0,0133	0,6554	0,0011	0,3944	1,7438	42,0757
σ_e^2	0,0870	0,1879	1,2277	11,8266	0,4294	128,1836	67,1204	1561,6426
σ_f^2	0,1088	0,2481	1,6462	22,0071	0,4449	226,9764	140,1569	3225,2857
h_g^2	0,1895	0,1954	0,2304	0,3979	0,0316	0,4140	0,4553	0,4557
	$\pm 0,0455$	$\pm 0,0462$	$\pm 0,0502$	$\pm 0,0662$	$\pm 0,0188$	$\pm 0,0674$	$\pm 0,0708$	$\pm 0,0707$
h_{mc}^2	0,3273	0,1246	0,3844	0,2610	0,1093	0,7170	0,5086	0,4999
c_p^2	0,0023	0,0017	0,0158	0,0349	0,0006	0,0195	0,0534	0,0470
c_t^2	0,0085	0,0456	0,0081	0,0298	0,0024	0,0017	0,0124	0,0130
A_{cl}	0,5721	0,3530	0,6200	0,5109	0,3306	0,8467	0,7132	0,7071
CV_g/CV_e	0,4861	0,5074	0,5499	0,7404	0,1810	0,8418	0,9248	0,9262
m	2,06	2,36	20,09	5,46	1,33	27,55	24,92	122,87

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio de colmos; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare (TCH).

Tabela 6. Estimativas dos componentes de variância genotípica entre clones (σ^2_g), variância ambiental entre parcelas (σ^2_p), variância dos tratamentos (σ^2_t), variância residual dentro de parcelas (σ^2_e), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade em nível de indivíduo no sentido amplo (h^2_g) $\pm$ desvio, herdabilidade da média de clone (h^2_{mc}), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_p), coeficiente de determinação dos efeitos de tratamento (c^2_t), acurácia da seleção de clones (A_{cl}), coeficiente de variação genético (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e média geral (m), obtidas pelo procedimento REML/BLUP do “software” Selegen utilizando 130 genótipos de cana-de-açúcar, referentes a média dos cortes da segunda fase de seleção (fase T2). Viçosa, 2006.

PARÂMETROS	CARACTERES ⁽¹⁾							
	AC	DIA	BRIX	NCM	PMC	PE	TBH	TCH
σ^2_g	0,0324	0,0693	0,6551	2,7916	0,0400	135,4982	56,2115	1451,2595
σ^2_p	0,0001	0,0002	0,0560	0,7244	0,0014	11,5262	8,6835	199,6771
σ^2_t	0,0027	0,0052	0,0023	0,2261	0,0007	0,8850	1,6494	45,5814
σ^2_e	0,1154	0,1758	1,9919	7,4014	0,2574	194,8627	57,8081	1463,6732
σ^2_f	0,1506	0,2505	2,7053	11,1435	0,2995	342,7721	124,3525	3160,1919
h^2_g	0,2152	0,2765	0,2421	0,2505	0,1337	0,3953	0,4520	0,4592
	$\pm 0,0484$	$\pm 0,0548$	$\pm 0,0513$	$\pm 0,0519$	$\pm 0,0385$	$\pm 0,0656$	$\pm 0,0701$	$\pm 0,0706$
h^2_{mc}	0,2554	0,2846	0,5823	0,4221	0,3619	0,6758	0,4943	0,4829
c^2_p	0,0010	0,0010	0,0207	0,0650	0,0046	0,0336	0,0698	0,0631
c^2_t	0,0177	0,0207	0,0008	0,0203	0,0023	0,0026	0,0132	0,0144
A_{cl}	0,5054	0,5334	0,7631	0,6650	0,6015	0,8221	0,7031	0,6949
CV_g/CV_e	0,5296	0,3938	0,6274	0,3771	0,3933	0,8103	0,9194	0,9338
m	2,16	2,39	19,23	9,78	1,36	42,02	25,43	130,37

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio de colmos; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare (TCH).

Dentre os vários parâmetros genéticos estudados em uma população, o mais considerado por melhoristas, com o intuito de investigar a natureza da variabilidade observada, segundo Falconer (1980), é a herdabilidade, devido ao fato desta levar em conta todos os componentes de variância. Um resumo das estimativas da herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g), considerando as fases de seleção T1 e T2 encontra-se na tabela 7.

Tabela 7. Resumo das estimativas de herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g) com os seus respectivos desvios, para os caracteres altura de colmos (AC), diâmetro de colmos (DIA) e Brix da primeira fase de seleção (T1) e altura de colmos, diâmetro de colmos, Brix, número de colmos por metro (NCM), produção estimada de colmos por parcela (PE), peso médio de colmos (PMC), toneladas de Brix por hectare (TBH) e toneladas de cana por hectare (TCH) do segundo e terceiro corte e da média dos cortes da segunda fase de seleção (T2). Viçosa. 2006.

FASE-ESTÁDIO	CARACTERES							
	AC	DIA	BRIX	NCM	PMC	PE	TBH	TCH
T1 cana-soca	0,6559 ±0,1161	0,4785 ±0,0992	0,6698 ±0,1174					
T2 segundo corte	0,1903 ±0,0450	0,2334 ±0,0503	0,3922 ±0,0654	0,3431 ±0,0610	0,2059 ±0,0484	0,2808 ±0,0552	0,3966 ±0,0658	0,3905 ±0,0651
T2 terceiro corte	0,1895 ±0,0455	0,1954 ±0,0462	0,2304 ±0,0502	0,3979 ±0,0662	0,0316 ±0,0188	0,4140 ±0,0674	0,4553 ±0,0708	0,4557 ±0,0707
T2 média de dois cortes	0,2152 ±0,0484	0,2765 ±0,0548	0,2421 ±0,0513	0,2505 ±0,0519	0,1337 ±0,0385	0,3953 ±0,0656	0,4520 ±0,0701	0,4592 ±0,0706

Observou-se que houve grande variação das estimativas de h^2_g entre as duas fases de seleção estudadas. As maiores variações foram encontradas para AC, sendo a estimativa de 0,6559 na fase T1 e em média, 0,2152 na fase T2. O DIA foi o caráter que apresentou as menores variações, ou seja, 0,4785 na fase T1 e em média, 0,2765 na fase T2. No entanto, como relatado anteriormente, as estimativas de h^2_g observadas para a fase T1 estão superestimadas, uma vez que os efeitos genotípicos preditos pelo modelo 20 do Selegen REML/BLUP não são completamente livres de efeitos ambientais, mas contemplam também efeitos de ambiente permanente de cada touceira.

Bressiani (1993) também relatou grandes variações nas estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) entre as três primeiras fases de seleção. De acordo com este autor tal fato pode ser atribuído, principalmente, a três fatores: baixa precisão na determinação do valor médio dos pais,

número de cruzamentos envolvidos no estudo e interação entre genótipos e fases de seleção.

Os desvios associados a cada estimativa de h^2_g foram moderados, exceto para o caráter PMC avaliado no terceiro corte da fase T2, o qual apresentou valor cerca de 60% da estimativa de h^2_g para o caráter e ambiente em questão. Exceto para DIA e Brix, Bressiani (1993) encontrou baixos desvios associados às estimativas de h^2_r obtidas para a segunda e terceira fase de seleção.

A grande influência do ambiente nos genótipos de cana-de-açúcar avaliados nas fases iniciais de seleção é responsável pelas baixas estimativas de herdabilidade encontrados nestas fases (Skinner *et al.*, 1987; Matsuoka *et al.*, 2005). Este fato faz com que a seleção individual seja pouco eficiente quando comparada com as subseqüentes fases de seleção.

Pode se observar pela tabela 7, que para a fase T1 os valores de h^2_g foram de 0,4785, 0,6559 e 0,6698 para os caracteres DIA, AC e Brix, respectivamente. Em resultados adaptados por Skinner *et al.* (1987), estimativas de h^2_g na fase inicial de seleção variaram de 0,30 a 0,44 para DIA, 0,21 a 0,32 para AC e 0,27 a 0,65 para Brix. Sendo assim, as estimativas relatadas por estes autores, quanto ao DIA e ao Brix foram semelhantes às estimativas encontradas no presente estudo. Como relatado por Singh *et al.* (1981) pequenas diferenças nas estimativas de herdabilidade detectadas entre estudos podem ser devido às diferenças entre os genótipos avaliados, tamanho amostral e ambientes considerados.

Geralmente, a seleção visual realizada na fase inicial, em grande parte dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, é realizada de forma indireta, ou seja, a seleção do caráter principal baseia-se em caracteres secundários. Dentre outros caracteres considerados nesta fase, maior ênfase tem sido dada à avaliação do Brix e resistência a algumas doenças, como ferrugem e carvão, por apresentarem maior herdabilidade (Skinner *et al.*, 1987, Bressiani, 2001; Matsuoka *et al.*, 2005). Pela magnitude das estimativas de h^2_g e da relação CV_g/CV_e encontradas no presente estudo, ressalta-se que, a estratégia de seleção para a fase T1 poderia basear-se tanto na avaliação do Brix quanto na AC.

Outra estratégia bastante considerada nas fases iniciais é a seleção com base na média de famílias, a qual é mais eficiente que a de plantas individuais, quando se considera caracteres de baixa herdabilidade. Bressiani (2001) relatou que as estimativas da herdabilidade com base nas médias das famílias geralmente foram superiores as estimativas ao nível de plantas individuais para seis caracteres estudados. Em uma revisão abrangendo vários países, Skinner *et al.* (1987) mostraram que as estimativas de herdabilidade considerando a média de famílias foram superiores às aquelas considerando plantas individuais. Para os caracteres DIA, AC e Brix, por exemplo, as estimativas considerando famílias variaram de 0,70 a 0,71, 0,40 a 0,84 e 0,53 a 0,90, respectivamente.

De acordo com Latter (1964), citado por Matsuoka *et al.* (2005) quando a herdabilidade individual for superior a 0.50, a seleção com base em plantas individuais é mais eficiente àquela com base na média de famílias. Sendo assim, pelos resultados obtidos neste estudo, a avaliação para Brix e AC na fase T1 seria mais eficiente se realizada em nível individual, enquanto que a seleção para DIA seria mais eficiente se baseada na média de famílias.

Uma vez que a seleção para produtividade de açúcar é pouco eficiente nas primeiras gerações clonais, programas de melhoramento atualmente em vigência têm conduzido, paralelamente, estudos de seleção baseados na seleção de famílias superiores (Barbosa *et al.*, 2004; Barbosa *et al.*, 2005).

As estimativas de herdabilidade considerando a fase T2 apresentaram variações entre os cortes analisados. Tal fato foi também observado por Bressiani (1993) considerando o primeiro e segundo corte da segunda fase de seleção. A ocorrência de variação entre cortes em cana-de-açúcar é esperada, devido à ocorrência da interação destes com os diferentes genótipos avaliados, e a possível descaracterização genômica nas soqueiras. Desta forma é relevante a avaliação em vários cortes para a prática eficiente da seleção. Em cana-de-açúcar, determinou-se a necessidade de avaliação de no mínimo três cortes, para que a seleção possa ser praticada com alta previsibilidade (acima de 80%) do valor real do genótipo (Ferreira *et al.*, 2006).

Considerando a média dos cortes da fase T2, verifica-se que os caracteres TCH, TBH e PE apresentaram as maiores estimativas de h^2_g , ou seja, aproximadamente 0,40.

Um outro parâmetro a se levar em consideração se refere à acurácia da seleção dos genótipos, de forma que quanto maior o valor desse parâmetro na avaliação para um determinado caráter, maior é a confiança na avaliação e nos valores genotípicos preditos dos genótipos para um determinado caráter. Resende (2002) relata que a acurácia seletiva depende da herdabilidade e da repetibilidade do caráter, da quantidade e da qualidade das informações e procedimentos utilizados na predição dos valores genotípicos. Esse autor relata ainda que, esse parâmetro é o principal elemento do progresso genético, em que o melhorista pode alterar visando maximizar o ganho genético.

Nas Tabelas 3, 4, 5 e 6 se encontram os valores da acurácia da seleção para as fases de seleção T1 e T2. Observa-se que os valores da acurácia na fase T1 tenderam a ser superiores àqueles obtidos para a fase T2. Na fase T1, as maiores acurácias foram observados para os caracteres Brix e AC (0,9268 e 0,9226, respectivamente), enquanto que para a fase T2, as maiores acurácias foram observadas para PE e Brix (0,8221 e 0,7631, respectivamente).

Na fase T2, têm sido avaliados pela RIDESA, milhares de genótipos, sendo que apenas cerca de 20%, em média, são selecionados. Os baixos valores de herdabilidade observados para a maioria dos caracteres avaliados nesta fase, exigem a definição de métodos experimentais mais adequados para obtenção de ganhos genéticos expressivos. Sendo assim, é na fase T2 que se utiliza pela primeira vez, considerando todo o processo de seleção, um delineamento estatístico, ou seja, o DBA (Federer, 1956). Este delineamento permite a avaliação dos genótipos sem a necessidade de emprego de repetições, contornando assim, o problema relacionado à limitação de material propagativo, observados nas fases iniciais de seleção, e possibilitando a avaliação de um grande número de genótipos. Alguns estudos objetivando uma melhor adequação do DBA em experimentos com cana-de-açúcar, em especial, à seleção de famílias têm sido relatados (Barbosa *et al.*, 2004; Barbosa *et al.*, 2005).

Pelos resultados obtidos anteriormente para a fase T1, no que diz respeito à relação CV_g/CV_e , herdabilidade e acurácia seletiva, evidencia-se que tanto a seleção com base no Brix quanto na AC podem vir a promover ganhos expressivos para estes caracteres, na fase considerada. Por outro lado, com relação à herdabilidade e a acurácia seletiva na fase T2, na média dos cortes, observa-se que, os caracteres principais, TBH e TCH e o caráter PE são aqueles mais promissores à seleção, uma vez que estes apresentaram as maiores magnitudes daqueles dois parâmetros. No entanto, as reduzidas e moderadas estimativas de h^2_g obtidas para os caracteres avaliados na fase T2, ressaltam a impossibilidade de se praticar seleção de alta intensidade nesta fase.

4.3. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_g)

O conhecimento de associações entre caracteres é de crucial importância no processo de seleção em qualquer programa de melhoramento. Em cana-de-açúcar, a presença de correlações favoráveis entre os componentes da produção e o caráter principal, possibilita que este último possa ser selecionado com base na avaliação daqueles primeiros.

4.3.1. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_g) na Fase T2

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_g) entre caracteres avaliados na fase T2 se encontram na Tabela 8. Os resultados ao se considerar a média dos cortes indicaram que exceto para a associação do Brix com os caracteres AC, DIA, PMC e PE, e do NCM com DIA e PMC, todas as demais combinações apresentaram estimativas de r_g significativas ao nível de 1 ou 5% de probabilidade.

Foram observadas variações nas magnitudes das estimativas de r_g entre o primeiro e o segundo corte da fase T2, principalmente em relação ao PMC com os demais caracteres. Tal fato pode ter ocorrido devido à interação genótipos x cortes e a descaracterização genômica nas soqueiras, especialmente em relação a este caráter.

As maiores estimativas de r_g envolvendo o caráter TBH foram encontradas para PE (0,9147) e NCM (0,7999). A associação entre TBH e AC foi relativamente moderada (0,4692), enquanto que as associações entre aquele primeiro caráter com o Brix, DIA e PMC foram baixas, com magnitudes de 0,2946, 0,2822 e 0,3470, respectivamente. Reddy e Reddi (1986) observaram um coeficiente de r_g entre o caráter TBH e número de colmos de 0,67. Kang *et al.* (1983) relataram que dentre vários caracteres avaliados na segunda fase de seleção, aqueles que apresentaram maior associação genotípica com o caráter toneladas de açúcar por hectare (TAH) foram o Brix e a AC (0,63 e 0,40, em média, respectivamente).

Durante a seleção de genótipos, para avaliação do caráter toneladas de colmos por hectare (TCH) é necessário que toda a parcela seja colhida e pesada. Tal procedimento além de ser trabalhoso, inviabiliza o processo de obtenção de mudas a serem empregadas na instalação de experimentos subseqüentes. Um procedimento alternativo e não destrutivo para avaliar a produção de colmos de plantas individuais seria aquele obtido pela produção estimada de colmos (PE), a qual é obtida com dados dos componentes da produção de colmos. Neste estudo, observou-se alta correlação entre PE e TCH (0,9315).

Nas fases iniciais de seleção, especialmente na fase T1, além de se considerar caracteres de alta herdabilidade, como o Brix e resistência a doenças, um outro caráter que tem sido considerado é o número de colmos (Matsuoka *et al.*, 2005). Com base nos coeficientes de correlação encontrados para a fase T2, deste estudo, o componente NCM se mostrou como bom indicador da produção de Brix, devendo ser observados mais cuidadosamente, quando se tem por objetivo a seleção indireta para TBH.

Tabela 8. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_G) entre 7 caracteres de 130 clones avaliados na segunda fase de seleção (fase T2). Viçosa, 2006.

CARACTERES ⁽¹⁾		DIA	NCM	PMC	PE	TBH	TCH	BRX
AC	2c ⁽²⁾	0,1507	0,1838*	0,4345**	0,4739**	0,5039**	0,5049**	0,1089
	3c	0,1991*	0,3369**	-0,0343	0,5187**	0,4551**	0,4605**	0,0361
	m	0,2437**	0,2792**	0,4215**	0,5093**	0,4692**	0,4739**	0,0738
DIA	2c		-0,2778**	0,4431**	0,2582**	0,1057	0,1311	-0,1449
	3c		-0,0355	0,3552**	0,3637**	0,2649**	0,2811**	-0,0763
	m		0,0322	0,5107**	0,3688**	0,2822**	0,2956**	-0,0320
NCM	2c			-0,0916	0,7689**	0,6926**	0,7157**	0,0445
	3c			-0,2803**	0,8629**	0,8678**	0,8752**	0,1160
	m			0,0218	0,7848**	0,7999**	0,8006**	0,1807*
PMC	2c				0,2736**	0,5125**	0,5125**	0,0227
	3c				-0,0776	0,0259	0,0184	0,0845
	m				0,2775**	0,3470**	0,3449**	0,0523
PE	2c					0,8276**	0,8586**	-0,0219
	3c					0,9300**	0,9429**	0,0870
	m					0,9147**	0,9315**	0,1003
TBH	2c						0,9847**	0,2329**
	3c						0,9939**	0,2508**
	m						0,9892**	0,2946**
TCH	2c							0,0865
	3c							0,1604
	m							0,1904*

* Significativo ao nível de 5% e ** Significativo ao nível de 1%.

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo. PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

(2) 2c: segundo corte; 3c: terceiro corte; m: média dos dois cortes.

4.3.2. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_G) entre as Fases T1 e T2

A expressão de um caráter em uma determinada fase do processo de seleção pode não ser a reprodução exata do ocorrido em avaliações anteriores, nem do que ocorrerá em avaliações posteriores. Tal fato se deve fundamentalmente a influência do ambiente sobre o caráter estudado (Mariotti, 1968). Sabe-se que a influência ambiental é maior nas fases iniciais de seleção, causando em consequência, uma maior dificuldade em se identificar os genótipos superiores e prever sua resposta em fases posteriores.

Dentre várias alternativas, a eficiência em se selecionar genótipos superiores para um determinado caráter, quando o processo de seleção

envolve diferentes fases, pode ser quantificada pelos coeficientes de correlação entre os caracteres nas fases consideradas. Desta forma, altas correlações devem ser constatadas quando o comportamento dos genótipos é semelhante entre as fases.

As estimativas de correlação genotípica (r_g) dos caracteres avaliados nas fases T1 e T2, bem como suas significâncias podem ser observadas na Tabela 9.

Tabela 9. Correlações genotípicas entre 4 caracteres avaliados na primeira fase de seleção (fase T1) e 8 caracteres avaliados na segunda fase (fase T2), considerando 130 genótipos. Viçosa, 2006.

		Fase T2							
Fase T1	CARACTERES ⁽¹⁾	AC	BRIX	DIA	NCM	PMC	PE	TBH	TCH
	AC	2c	0,3725**	-0,0582	0,0805	-0,1002	0,2593**	0,0476	0,1554
		3c	0,4635**	0,0357	0,1078	0,0880	0,0130	0,2444**	0,1937*
		m	0,5016**	0,0206	0,1061	0,0588	0,2417**	0,1654	0,1762*
	BRIX	2c	0,0386	0,3955**	-0,1900*	0,2506**	-0,0711	0,1091	0,1902*
		3c	-0,0587	0,4050**	-0,1534	0,2008*	-0,0681	0,0676	0,1341
		m	-0,0617	0,3172**	-0,2505**	0,2033**	-0,0942	0,0850	0,1641
	DIA	2c	0,1258	-0,1749*	0,4520**	-0,1095	0,3101**	0,1752*	0,1540
		3c	0,0686	-0,0115	0,4791**	-0,0445	0,1978*	0,1573	0,1268
		m	0,1312	-0,0435	0,4341**	0,0113	0,3388**	0,1881*	0,1377
	NCM	2c	0,0593	0,0287	-0,2232**	0,2325**	0,0987	0,0857	0,2086*
		3c	0,1058	0,0632	-0,1261	0,2757**	-0,0932	0,2342**	0,2619**
		m	0,0599	0,0588	-0,2054*	0,2158**	0,0838	0,1672	0,2535**

* Significativo ao nível de 5% e ** Significativo ao nível de 1%.

1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

Dentre os caracteres avaliados tanto na fase T1 quanto na T2 (AC, DIA, BRIX e NCM), a AC e o DIA foram os que apresentaram as estimativas mais consideráveis de r_g entre as duas fases (0,5016 e 0,4341, respectivamente). Estes valores indicam que a avaliação para AC e DIA efetuada na fase T1 pode, razoavelmente, predizer o comportamento dos genótipos quanto a estes caracteres na fase posterior (T2). Estes resultados estão de acordo com aqueles apresentados por Cuenya *et al.* (1999), os quais relataram que DIA, PMC e AC foram os caracteres que resultaram em seleção precoce mais eficiente dentro de um modelo modificado de seleção (modelo onde foi eliminada uma das fases intermediárias de seleção clonal, aumentando-se consequentemente, o tamanho das parcelas avaliadas).

Considerando o Brix e o NCM, o comportamento dos genótipos na fase T1 não foi satisfatoriamente reproduzível na fase T2, uma vez que estes caracteres apresentaram menores estimativas de r_g entre as fases de seleção (0,3172 e 0,2158, respectivamente) em relação ao DIA e AC. No entanto, alguns autores relatam que o Brix é o caráter que apresenta a maior homogeneidade de comportamento ao se passar da primeira para a segunda fase (Bressiani, 1993), e da segunda para a terceira fase de seleção (Miller e James, 1975; Tai e Miller, 1980). Resultados contraditórios observados entre estudos podem ser devido às diferentes classes de correlações utilizadas (genotípica ou fenotípica). No entanto, sabe-se que as correlações genotípicas são muito mais úteis em representar os verdadeiros valores das associações entre caracteres, que as correlações fenotípicas.

É importante relatar que o grau de diferenciação do comportamento de uma população, em relação a um determinado caráter, ao se passar de uma fase de seleção para outra é peculiar à população, bem como às fases consideradas. Cuenya *et al.* (1999) relatam que a repetibilidade da expressão de componentes de produção e êxito da resposta obtida pela seleção, são fortemente determinados pela família de referência. Desta forma, a impossibilidade de se aplicar critérios de seleção diferenciados através de famílias reafirma a premissa de não se exercer fortes pressões de seleção para nenhum caráter na primeira fase de seleção.

Ao se analisar as correlações entre caracteres avaliados na fase T1 e a TBH avaliada na fase T2, observa-se que, na média dos cortes, apenas a AC e o NCM mostraram correlações significativas (ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente) com aquele primeiro caráter. No entanto, apesar de significativas essas duas estimativas apresentaram baixa magnitude, ou seja, 0,1762 e 0,2535, respectivamente.

As reduzidas magnitudes dos coeficientes de r_g obtidos entre as duas fases de seleção, reafirmam a impossibilidade de se selecionar com alta intensidade na fase T1.

4.4. Predição dos valores genotípicos

O sucesso do melhoramento genético depende, sobretudo, da adoção de acurados procedimentos de seleção, os quais se baseiam tanto na estimação dos componentes de variância, quanto na predição dos valores genéticos. Como relatado por Resende (2002), no caso de seleção e clonagem de genótipos avaliados em testes de progênies, torna-se imprescindível a predição dos valores genotípicos e não apenas dos valores genéticos aditivos. Nas tabelas 13, 14, 15 e 16 (anexos), são apresentados os valores genotípicos preditos ($\mu + g$) para os caracteres avaliados na fase T1 e no segundo, terceiro e média dos cortes da fase T2, respectivamente.

As médias genotípicas (m) e os avanços genéticos esperados (AGEs) sob três proporções de seleção (10, 20 e 40%) dos caracteres avaliados na fase T1 e na média dos cortes da fase T2 são apresentados na Tabela 10. Os AGEs na proporção de seleção de 10%, para todos os caracteres avaliados em ambas as fases de seleção foram cerca de duas vezes superiores que na proporção de seleção de 40%.

Tabela 10. Médias genotípicas (m) e avanços genéticos esperados (AGEs) para três proporções de seleção (10, 20 e 40%), para os caracteres avaliados na primeira fase de seleção (fase T1) e na média dos cortes da segunda fase (fase T2). Viçosa, 2006.

		Avanço genético esperado		
		Proporção de seleção		
		10	20	40
	Caracteres ⁽¹⁾	m	% de m	
Fase T1	AC	2,51	17,52	13,53
	BRIX	23,27	7,39	6,13
	DIA	2,76	14,40	10,93
Fase T2	AC	2,16	13,88	10,65
	BRIX	19,23	4,89	4,06
	DIA	2,39	16,32	13,39
	NCM	9,78	41,37	32,68
	PMC	1,36	19,12	14,71
	PE	42,02	47,88	35,96
	TBH	25,43	48,13	38,46
	TCH	130,37	49,49	38,19

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

Considerando a fase T1 observa-se que o caráter AC foi o que apresentou o maior AGE nas três proporções de seleção (17,52, 13,53 e 9,26% para as proporções de 10, 20 e 40%, respectivamente). Este resultado, aliado às maiores estimativas obtidas para a relação CV_g/CV_e , herdabilidade e acurácia seletiva para a AC evidencia que grandes ganhos podem ser obtidos com a seleção para este caráter na fase T1. O caráter Brix, por outro lado, foi o que apresentou o menor AGE (7,39, 6,13 e 4,18% para as proporções de 10, 20 e 40% respectivamente), apesar de juntamente com a AC ter se mostrado altamente promissor quanto à relação CV_g/CV_e , herdabilidade e acurácia seletiva. Estes resultados estão de acordo com aqueles relatados por Sharma e Singh (1998), que ao avaliar genótipos de três diferentes origens observaram taxas de AGE que variaram de 9,60 a 12% para DIA, 10,21 a 13,35% para AC e 1,31 a 6,46% para Brix.

Com exceção da TBH e da TCH, dentre os demais caracteres avaliados fase T2, considerando a média dos cortes, a PE e o NCM foram os que mostraram as maiores taxas de AGE, as quais variaram de 24,01 a 47,88 para PE e de 21,53 a 41,37% para NCM. Ao se considerar o caráter TBH, observa-se que este é bastante promissor à seleção, uma vez que apresentou AGE variando de 27,21 a 48,13%. Como observado na fase T1, o Brix foi o caráter de menor AGE, o qual variou de 3,02 a 4,89%. Estes resultados estão de acordo com aqueles relatados por Kang *et al.* (1983). Dentre vários caracteres analisados por estes autores na segunda fase de seleção, o NCM foi o segundo caráter com maiores AGEs ao se considerar diferentes proporções de seleção (17 a 36%), perdendo apenas para o PMC (22 a 46%). O Brix, por outro lado, apresentou os menores valores (7 a 15%).

Na Tabela 11 podem ser observadas as proporções de seleção exigidas para os caracteres avaliados na fase T2 quando o nível mínimo de seleção foi estabelecido por cada uma das quatro cultivares-padrão consideradas nesta fase. Por esta estratégia, apenas os genótipos superiores a cultivar-padrão considerada, para um determinado caráter, serão selecionados.

Tabela 11. Proporções de seleção (%) estabelecidas pelo desempenho de 4 cultivares-padrão consideradas na média dos cortes da fase T2. Viçosa, 2006.

CARACTERES ⁽²⁾	Proporção de seleção (%)			
	Cultivares-padrão ⁽¹⁾			
	1	2	3	4
AC	18	38	88	88
BRIX	4	4	19	53
DIA	0	2	25	35
NCM	3	45	60	93
PMC	31	32	51	100
PE	5	27	51	78
TBH	2	37	57	81
TCH	5	38	55	85

(1) Cultivares-padrão 1, 2, 3 e 4: primeira, segunda, terceira e quarta cultivar-padrão de melhor desempenho, respectivamente.

(2) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

Dentre as quatro cultivares-padrão consideradas, ao se utilizar aquela de melhor desempenho (cultivar-padrão 1) para estabelecer o nível mínimo de seleção na fase T2, as maiores proporções de seleção exigidas foram encontrados para PMC e AC (18 e 31%, respectivamente). Por outro lado, TBH e NCM apresentaram os menores valores (2 e 3 %, respectivamente). Não foram encontrados genótipos superiores à cultivar-padrão de melhor desempenho para o DIA. Considerando as proporções de seleção que foram utilizadas para simulação dos ganhos genéticos esperados (AGEs), apenas aquela de 40% seria eficiente em selecionar os genótipos superiores para todos os caracteres analisados (com exceção do DIA). As proporções de seleção de 20% e 10% só não seriam completamente eficientes quanto a AC e ao PMC, os quais necessitariam de proporções de seleção mais elevadas (superior a 31%).

Ao utilizar a segunda cultivar-padrão de melhor desempenho (cultivar-padrão 2) o caracter NCM foi o que apresentou proporção de seleção mais elevada (45%). Por outro lado, as menores proporções foram exigidas pelos caracteres DIA e Brix (2 e 4%, respectivamente). Com exceção do NCM, uma proporção de seleção de 40% seria eficiente em selecionar os genótipos superiores em todos os demais caracteres, enquanto que as proporções de 20% e 10% seriam eficientes apenas para os caracteres DIA e Brix.

Considerando as duas cultivares-padrão de desempenhos inferiores (cultivares-padrão 3 e 4) para estabelecer o nível mínimo de seleção, com exceção do Brix e do DIA, os demais caracteres exigiram elevadas proporções de seleção (acima de 51%). Para o Brix as proporções de seleção foram de 19% no caso de se utilizar a cultivar-padrão 3 e 53% no caso de se utilizar a cultivar-padrão 4. Para o DIA estas proporções foram de 25 e 35%, para as cultivares-padrão 3 e 4, respectivamente. No caso de se utilizar a cultivar-padrão 3, uma proporção de seleção de 40% seria eficiente em selecionar todos os genótipos superiores tanto em relação ao Brix quanto em relação ao DIA, enquanto que uma proporção de 20% seria eficiente apenas para o Brix. Por outro lado, ao se considerar a cultivar-padrão 4, o único caráter que seria eficientemente selecionado a uma proporção de seleção de 40% seria o DIA. James e Miller (1975) relataram que a proporção de seleção ótima na soca da segunda fase de seleção para o NCM, DIA e Brix foi de 60, 40 e 40%, respectivamente.

As porcentagens de coincidência (PC) dos genótipos selecionados em três proporções de seleção (10, 20 e 40%) na fase T1 que apresentaram melhor desempenho na fase T2 podem ser observadas na Tabela 12. Os pares de caracteres apresentaram PC superiores na proporção de seleção de 40%.

Tabela 12. Porcentagens de coincidência (PCs) dos genótipos selecionados em três proporções de seleção, na primeira fase (T1) e os genótipos de melhor desempenho na média dos cortes da segunda fase (T2) de seleção. Viçosa, 2006.

Fase T1	CARÁCTERES ⁽¹⁾	P(%)	Fase T2							
			AC	BRIX	DIA	NCM	PMC	PE	TBH	TCH
	AC	10	46,15	0,00	7,69	15,38	15,38	23,08	15,38	15,38
		20	53,85	23,08	19,23	26,92	26,92	30,77	34,62	30,77
		40	57,69	42,31	36,54	36,54	44,23	42,31	40,38	44,23
	BRIX	10	0,00	23,08	0,00	7,69	7,69	7,69	0,00	0,00
		20	19,23	30,77	7,69	19,23	15,38	23,08	19,23	19,23
		40	36,54	57,69	28,85	46,15	34,62	44,23	46,15	42,31
	DIA	10	23,08	7,69	53,85	0,00	38,46	30,77	30,77	30,77
		20	15,38	19,23	46,15	23,08	38,46	23,08	26,92	30,77
40		50,00	32,69	63,46	36,54	53,85	46,15	48,08	50,00	
NCM	10	15,38	0,00	23,08	15,38	23,08	23,08	23,08	23,08	
	20	15,38	11,54	11,54	26,92	19,23	26,92	26,92	26,92	
	40	40,38	42,31	30,77	48,08	40,38	38,46	42,31	40,38	

P(%) = Proporção de seleção

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de Brix por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

Considerando a porcentagem de coincidência (PC) dos genótipos selecionados na fase T1 que apresentaram melhor desempenho na fase T2, em relação a um mesmo caráter, observa-se que na proporção de 10% o DIA acompanhado pela AC, foram os caracteres que apresentaram as maiores PCs (53,85 e 46,15%, respectivamente). O NCM e o Brix, por outro lado, apresentaram menores PCs (15,38 e 23,08%, respectivamente). Na proporção de 20%, inversamente ao que ocorreu na proporção de seleção de 10% a AC apresentou maior PC (53,85%) que o DIA (46,15%). Novamente, o NCM e o Brix apresentaram as menores PCs (26,92 e 30,77%, respectivamente). Finalmente, a uma proporção de seleção de 40% o DIA e o NCM apresentaram maior e menor PCs respectivamente (63,46 e 48,08%). Estes resultados indicam que a eficiência de seleção de genótipos superiores é mais eficiente para o DIA e para a AC em diferentes proporções de seleção.

Ao considerar as PCs dos genótipos selecionados para os caracteres avaliados na fase T1 e os genótipos de melhor desempenho quanto ao caráter TBH da fase T2 observa-se que, a uma proporção de seleção de 10%, o DIA foi o caráter que mais proporcionou genótipos superiores quanto

à produção de Brix na fase T2, apresentando uma porcentagem de coincidência de 30,77%. Nesta mesma proporção o Brix, por outro lado, não apresentou nenhuma coincidência de seleção com TBH.

A uma proporção de seleção de 20% observa-se que, os genótipos selecionados para AC apresentaram a maior PC (0,3462%). A seleção para Brix foi, novamente, a menos eficiente em selecionar genótipos com alta TBH (19,23%). Na proporção de seleção de 40%, a maior PC foi observado para o caráter DIA (0,4808%). Estes resultados evidenciam que a seleção dos genótipos superiores quanto ao DIA e AC na fase T1, pode contribuir para uma maior proporção de genótipos com maior produção de Brix na fase T2.

Dentre os 130 clones avaliados na fase T2, considerando a média dos cortes, RB987620, RB987572 e RB987561 foram os que apresentaram os maiores valores genotípicos preditos quanto ao caráter TBH (46,09, 40,22 e 38,57 toneladas, respectivamente), como pode ser observado pelas tabelas 14, 15 e 16.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente estudo a respeito das estimativas dos parâmetros genéticos e valores genotípicos referentes às fases de seleção T1 e T2 desenvolvidas pelo programa de melhoramento da RIDESA permitiram concluir que:

- Genótipos que não apresentarem na fase T1 pelo menos cinco colmos na touceira deverão ser descartados, mesmo quando os demais caracteres considerados forem favoráveis.
- Dentre os caracteres avaliados na fase T1, a altura do colmo (AC) foi o que se mostrou mais promissor a ser considerado na seleção de genótipos a serem incluídos na fase de seleção subsequente (T2), uma vez que apresentou as maiores estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidade, acurácia de seleção e relação CV_g/CV_e), maiores coeficientes de correlação genotípica ao se passar de uma fase para a outra e maiores taxas de avanço genético.
- A produção estimada de colmos (PE) apresentou alta correlação com o caráter toneladas de colmos por hectare (TCH) na fase T2, constituindo-se assim em uma alternativa de seleção indireta para produtividade de colmos.
- Dentre os clones avaliados na fase T2, considerando a média dos cortes, RB987620, RB987572 e RB987561 foram os que apresentaram os maiores valores genotípicos preditos quanto ao caráter TBH.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: Willey. 485p. 1960.
- ANDRADE, S.N.; ANDRADE, J.N.; **Agroindústria canavieira na Bahia**. Recife, SUDENE – Div. Documentação. 73 p. 1969.
- ARRUDA, S.C. A história das grandes epifitias da cana-de-açúcar. **O biológico**. v.7. p.313-318. 1941.
- BARBIN. D. **Componentes de variância: Teoria e aplicações**. 2. ed. Piracicaba. 120p. 1993.
- BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa, **STAB-Açúcar, Álcool e Subprodutos**. v.18. p.30-32. 2000.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.; PETERNELLI, L.A.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; SILVA, F.L.; FIGUEIREDO, I.C.R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.218-226. 2004.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Estratégias de melhoramento genético da cana-de-açúcar em universidades. In: **IX Simpósio sobre seleção recorrente**. Lavras: UFLA, ago. 2005.
- BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BURNQUIST, W.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, F.L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**. v.62. n.2. p.199-206. 2003.
- BREAUX, R.D. Some breeding strategies with bi-parental and polycrosses. In: **Coopersucar Int. Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 71-86. 1987.
- BRESSIANI, J.A. **Herdabilidade e repetibilidade dos componentes da produção na cultura da cana-de-açúcar**. Piracicaba, SP: ESALQ/USP. 68p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 1993.
- BRESSIANI, J.A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Piracicaba, SP: USP, Escola superior de Agricultura Luiz de Queiroz. 134p. 2001.
- BRIGGS, K.G.; SHEBESKI, L.H. Visual selection for yielding ability of F₃ lines in a hard red spring wheat breeding program. **Crop Science**. v.10. n.4. p.400-402. 1970.
- BUENO FILHO, J.S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênieis florestais**. Piracicaba, SP:

ESALQ. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 118 p. 1997.

CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**. v.84. p.662-671. 1992.

CHAUDHARY, B.S.; SARIAL, A.K.; KADIAN, S.P.; MEHLA, A.S. Character correlation between seedling, settling and ratoon of seedling in five inter-varietal crosses of sugarcane. **Proceedings sugar technologists Association of India**. v.52. p.55-58. 1989.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M.; SMITH, G. **Cane breeding and improvement**. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Eds.) Manual of cane growing, Bureau of sugar experiment stations. 436p. 2000.

CUENYA, M.I.; MARIOTTI, J.A. Repetibilidade de la expression en etapas tempranas de seleccion en progenies hibridas de caña de azucar (*Saccharum spp.*). **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**. v.70. n.1-2. p.41-48. 1993.

CUENYA, M.I.; ERAZZÚ, L.E.; GARCIA, M.B.; CHAVANNE, E.R. ROMERO, C.D.; MARIOTTI, J.A. Eficiencia de la seleccion en los modelos tradicional y modificado del programa de mejoramiento genetico de la caña de azucar de Tucuman (EEAOC – INTA). **Etapas I y II de selección. Revista Industrial Agrícola de Tucumán**. v.76. n.1. p.10-14. 1999.

CRUZ, C.D. **Programa GENES** – Versão Windows – Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa. MG: UFV. 648p. 2004.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV. 480p. 2004.

DAHIYA, B.S.; WALDIA, R.S.; KAUSHIK, L.S.; SOLANKI, I.S. Early generation yield testing versus visual selection in chickpea (*Cicer arietinum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**. v.68. p.525-529. 1984.

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Estimación e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**. v.58, n.1, p.109-117. 2001.

DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. **Crop Science**. v.9. n.3. p.257-261. 1969.

EISENBERG, P.L. **Modernização sem mudança: A indústria açucareira em Pernambuco, 1840/1910**. Editora Paz e Terra. Campinas. 294p. 1977.

ETHIRAJAN, A.S. Sugarcane hybridization techniques. In: **Coopersucar Int. Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 129-147. 1987.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 2.ed. New York: Ronald Press. 365p.1964.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV. 279p. 1981.

FEDERER, W.T. Augmented (or Hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Rec.** v.55. p.191-208. 1956.

FERNANDES, A.C.; IRVINE, J.E. The Brazilian sugar and alcohol agroindustry. In: **Coopersucar Int. Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 233-247. 1987.

FERNANDES, A.C.; MACHADO Jr. G.R.; SORDI, R.A.; RAIZER, A.J.; BENTO, M.I.C.; MENDONÇA, J.R. Recomendações para cultivo da terceira geração de variedades SP. **V Seminário de tecnologia agrônômica**. Copersucar. P.35-60. 1991.

FERNANDES, A.C.; SOUZA, P.F. Análise direta da cana-de-açúcar em ensaios de competição de variedades através do NIR. **VII Seminário Copersucar de Tecnologia Agrônômica**. P.37-44. 1997.

FERREIRA, D.F. Análises estatísticas por meio do Sisvar para Windows versão 4.0. In:....45^a **Reunião da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria**. UFSCar, São Carlos, SP. p.255-258. 2000.

FERREIRA, A.; BARBOSA, M.H.P; CRUZ, C.D.; HOFFMANN, H.P.; VIEIRA, M.A.S.; BASSINELO, A.M.; SILVA, M.F. Repetibilidade e número de colheitas para seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.40. n.8. p.761-767. 2005.

FREY, K.J. Effectiveness of visual selection upon yield in oat crosses. **Crop Science**. v.2. n.2. p.102-105. 1962.

GALVEZ, A.M.; EMPIG, L.T. Interclonal competition in two sugarcane hybrid populations. **Proceedings of the XVI Congress**. São Paulo, Brasil.p.187-202. 1977.

HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**. v.54. n.1-2. p.93-108. 1967.

HEINZ, D.J.; TEW, T.L. Hybridization procedures. In: HEINS, D.J. (ed). **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, Amsterdam. P.313-342. 1987.

HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane III. O effect of competition and violation of genetic assumptions on estimations of genetic variance components. **Australian Journal Agricultural Research**. v.28. n.2. p.257-268. 1977.

HOGARTH, D.M.; WU, K.K; HEINZ, D.J. Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross design. **Crop Science**. v.21. p.21-25. 1981.

HOGARTH, D.M.; COX, M.C.; BULL, J.K. Sugarcane improvement: Past achievements and future prospects. In: **Crop improvement for the century**. p.29-56. 1997.

JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**. v.43. p.109-118. 1995.

JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A. Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research**. v.59. p.151-162. 1998.

JACKSON, P.; MCRAE, T.A. Selection of sugarcane clones in small plots. Effects of plot size and selection criteria. **Crop Science**. v.41. n.2. p.315-322. 2001.

JAMES, N.I. Yield components in random and selected sugarcane populations. **Crop Science**. v.11. n.6. p. 906-908. 1971.

JAMES, N.I.; MILLER, J.D. Selection in two seedlings crops of four sugarcane progenies. **Crop Science**. v.11. p.245-248. 1971.

JUNQUEIRA, A.A.B.; DANTAS, B. A cana-de-açúcar no Brasil. In: Malavolta, E. *et al.* (eds). **Cultura e adubação da cana-de-açúcar**. São Paulo: Instituto Brasileiro de Potassa. p.27-60. 1964.

KANG, M.S.; MILLER, J.D.; TAI, P.Y.P. 1983. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science**. v.23. p.643-647. 1983.

KIMBENG, C.A.; COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in australia: a review. **Journal American Society of sugarcane Technologists**. v.23. p.20-39. 2003.

LASCANO, O.G.; MARIOTTI, J.A. Estudio sobre las porcentagens de seleccion como metodo para evaluar progenitores em caña de azucar. **Rev. Industrial y Agrícola de Tucumán**. v.46. n.2. p.1-19, 1969.

LASCANO, O.G.; MARIOTTI, J.A. Estudios de seleccion em la etapa de plantines individuales en cana de azucar (I). Asociaciones fenotipicas entre caracteres em el primer corte. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**. v.47. n.1. p.35-45, 1970.

LEVI, C.A. Floracion de caña de azucar, determinación de requerimientos inductivos. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**. v.60. n.1. p.1-15. 1983.

LYRENE, P.M. Single-stall variety selection in sugarcane (*Saccharum* spp. L.). **Proceedings of the XVI congress..** São Paulo, Brasil. p.93-100. 1977.

MACHADO Jr., G.R.; SILVA, W.M.; IRVINE, J.E. Sugarcane breeding in Brazil: the copersucar program. In: **Coopersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 217-232. 1987.

MARIOTTI, J.A. Estudio estadístico en las poblaciones derivadas de cinco cruzamientos en caña de azúcar. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**. v.45. n.3. p.95-151. 1968.

MARIOTTI, J.A. Experiências de selection clonal em caña de azúcar en la provincia de Jujuy. II – Repetibilidad y heredabilidad de caracteres de interesse agrônomico. **Rev. Agro. N. O. Argentina**, Argentina, v.10 (1-2): p.61-73. 1973.

MARIOTTI, J.A. Sugarcane clonal selection research in Argentina. A review of experimental results. **Proceedings of the XVI Congress**. São Paulo, Brasil.p.121-136. 1977.

MARTINS, E.N. **Desenvolvimento de uma estratégia computacional para seleção de coelhos, usando o Melhor Preditor Linear não-viciado**. Viçosa,, MG: DBA/UFV. 117p. 1995.

MATSUOKA, S. O programa de variedades da cana-de-açúcar do Planalsucar. **Brasil Açucareiro**. v.106. n.1. 1988.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV. p.225-274. 2005.

McCULLOCH, C.E.; SEARLE, S.R. **Generalized, linear, and mixed models. Wiley series in probability and statistics**. Canada. 325p. 2001.

MOORE, P.H. Physiology and control of flowering. In: **Coopersucar Int. Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 103-127. 1987.

NAIDU, K.M.; SREENIVASAN, T.V. Conservation of sugarcane germplasm. In: **Coopersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 33-53. 1987.

NAYAMUTH, R.; MANGAR, M.; SOOPAYA, R. Characterization of natural environments for sugarcane flowering ability. **AMAS**. Food and Agricultural Research Council, Réduit, Mauritius. P.179-187. 2003.

OITICICA, J. Sugarcane Experiment Station. Northeast Brazil. **Sugar Journal**. V.39. n.12. p.16-17. 1977.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**. V.58. p.545-554. 1971.

PEIXOTO, A.A. Considerações sobre história e genética da cana-de-açúcar, é uma tese sustentada em 1842. **Brasil Açucareiro**. v.82. n.5. 1973.

RAM, B.; CHAUDHARY, B.S.; SINGH, S. Repeatability of important traits among seedlings, ratoon of seedlings e settling stages in sugarcane (*Saccharum* species). **Indian Journal of Agricultural Sciences**. v.66. n.9. p.546-548. 1966.

RAM, B.; CHAUDHARY, B.S.; SINGH, S. Efficacy of visual selection methods in seeding populations of sugarcane (*Saccharum officinarum*) crosses. **Indian Journal of Agricultural Sciences**. v.68, n.1, p.33-35. 1998.

REDDY, C.R.; REDDI, M.V. Degree of genetic determination, correlation and genotypic and phenotypic path analysis of cane and sugar yield in sugarcane. **Indian Journal Genetic**. v.46. n.3. p.550-557. 1986.

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**. Colombo. n.32/33, p.3-22. 1996.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas. Documentos 47. 101 p. 2000.

RESENDE, M.D.V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Embrapa Floresta, Curitiba, 67p. (Documentos 77). 2002a.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**, Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 975p. 2002b.

ROACH, B.T.; DANIELS, J. A review of the origin e improvement of sugarcane. In: **Coopersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 1-31. 1987.

SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York: J. Wiley. 528p. 1992.

SEGALLA, A.L. Botânica, melhoramento e variedades. In: Malavolta, E. *et al.* (eds). **Cultura e adubação da cana-de-açúcar**. São Paulo: Instituto Brasileiro de Potassa. p.61-98. 1964.

SHARMA, M.L.; SINGH, P. Selection effect of heritability and association in sugarcane (*Saccharum officinarum*) of important traits. **Indian Journal Agricultural Sciences**. v.68. n.7. p. 355-357. 1998.

SINGH, H.N.; SINGH, S.B.; SINGH, T.K. Selection parameters in sugarcane. **Indian Journal Agricultural Sciences**. v.51. n.8. p. 562-566. 1981.

SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria, and indices. In: HEINZ, D.J. (ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier. P.409-453. 1987.

SOUZA JR., C.L. **Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa**. Publicação didática, Departamento de Genética, Piracicaba: Esalq/USP. 41p. 1995.

TAI, G.C.C. Effectiveness of visual selection for early clonal generation seedlings of potato. **Crop Science**. v.15. p.15-18. 1975.

ZACARIAS, C.A.B. **Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em clones de cana-de-açúcar (*Saccharum spp*) e suas implicações no melhoramento**. Piracicaba, SP. ESALQ/USP. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 82p. 1977

ANEXO

Tabela 13. Valores genotípicos ($\mu + g$) dos 130 genótipos de cana-de-açúcar, preditos pelo procedimento BLUP/REML do “software” Selegen, para os caracteres Brix, altura de colmos (AC) e diâmetro de colmos (DIA) avaliados na primeira fase de seleção (fase T1). Viçosa, 2006.

GENÓTIPOS	CARACTERES		
	BRIX (%)	AC (m)	DIA (cm)
RB987503	24,13	2,52	2,98
RB987504	22,69	2,23	2,40
RB987505	24,07	2,10	2,59
RB987506	22,29	2,02	2,96
RB987507	24,47	2,06	2,47
RB987508	22,52	2,25	2,64
RB987509	24,58	2,19	2,69
RB987510	21,78	2,10	2,20
RB987511	23,44	2,52	3,08
RB987514	23,38	2,54	2,62
RB987515	24,36	2,29	2,25
RB987516	23,61	2,69	2,84
RB987517	25,33	2,01	2,23
RB987518	22,69	2,67	2,84
RB987521	22,01	2,46	2,72
RB987522	21,61	2,19	2,81
RB987524	24,30	2,37	2,62
RB987525	23,21	2,25	2,76
RB987526	22,01	2,19	2,28
RB987527	21,09	2,32	2,54
RB987528	24,58	2,16	2,89
RB987529	23,50	2,40	2,74
RB987530	22,07	2,76	3,20
RB987531	23,67	2,27	2,69
RB987532	23,78	2,52	3,11
RB987533	25,21	2,53	2,79
RB987534	23,32	2,52	2,91
RB987535	24,64	2,42	2,86
RB987536	24,76	2,35	2,13
RB987537	24,47	2,80	2,59
RB987538	25,04	2,42	2,79
RB987539	23,15	2,66	2,64
RB987541	24,24	2,25	3,13
RB987542	23,44	2,29	2,64
RB987544	24,58	2,19	2,76
RB987545	23,50	2,25	2,74
RB987547	23,84	2,16	2,67
RB987548	21,61	2,74	2,74
RB987549	24,81	2,52	2,86
RB987550	23,84	2,81	2,86
RB987551	23,32	2,90	2,86

Tabela 13. Cont.

GENÓTIPOS	CARACTERES		
	BRIX (%)	AC (m)	DIA (cm)
RB987552	23,55	2,54	2,94
RB987553	23,10	2,60	2,74
RB987554	25,79	2,42	2,62
RB987555	24,53	2,23	2,67
RB987556	22,47	2,70	3,23
RB987557	23,61	2,59	2,52
RB987558	21,66	2,36	2,76
RB987559	23,04	2,46	2,89
RB987560	22,69	2,60	2,91
RB987561	22,98	3,30	3,13
RB987563	21,95	2,39	2,81
RB987564	23,10	2,67	2,94
RB987565	23,04	2,36	2,72
RB987566	25,10	1,96	2,89
RB987567	22,81	2,29	3,20
RB987569	22,75	2,62	2,69
RB987570	22,81	2,67	2,94
RB987571	23,06	2,58	2,88
RB987572	23,84	2,86	2,89
RB987573	24,18	2,47	2,64
RB987574	22,75	2,56	3,16
RB987575	23,04	2,54	3,13
RB987576	23,50	2,87	2,74
RB987577	22,18	2,66	2,81
RB987578	22,07	2,57	2,50
RB987579	24,47	2,56	2,50
RB987580	19,95	2,64	3,11
RB987582	23,38	2,79	2,94
RB987584	22,52	2,63	2,76
RB987585	23,15	2,10	2,84
RB987586	23,04	2,53	3,08
RB987587	23,38	2,43	2,74
RB987588	23,67	2,67	2,67
RB987590	23,95	2,54	2,76
RB987591	23,44	2,53	2,74
RB987592	21,66	2,94	2,96
RB987593	22,52	2,54	2,67
RB987595	23,38	2,54	2,62
RB987596	22,52	2,30	2,91
RB987597	22,24	2,57	2,86
RB987598	23,01	2,69	2,94
RB987600	23,67	2,46	2,62
RB987602	23,38	2,63	3,03
RB987606	24,76	2,23	2,42
RB987607	24,30	2,71	2,69

Tabela 13. Cont.

GENÓTIPOS	CARACTERES		
	BRIX (%)	AC (m)	DIA (cm)
RB987608	23,04	2,42	2,62
RB987609	24,76	2,46	2,30
RB987610	21,32	2,63	2,57
RB987612	21,03	2,29	2,84
RB987613	21,89	2,43	2,72
RB987614	23,67	2,32	2,79
RB987619	22,81	2,32	2,54
RB987620	21,89	2,69	2,57
RB987623	23,32	2,74	2,94
RB987625	23,38	2,60	2,47
RB987627	20,81	2,66	2,86
RB987628	23,38	3,14	2,84
RB987630	24,13	2,70	2,69
RB987634	21,72	2,63	2,81
RB987635	23,44	2,84	2,42
RB987636	23,61	2,35	2,28
RB987637	24,18	2,33	2,57
RB987638	23,32	2,63	2,76
RB987640	22,41	2,90	3,16
RB987641	23,67	2,40	3,28
RB987644	22,98	2,33	2,59
RB987645	22,07	2,40	3,06
RB987646	23,21	2,47	2,91
RB987647	21,61	2,97	2,69
RB987648	22,81	2,59	2,57
RB987649	22,12	2,60	2,69
RB987651	24,18	2,56	2,94
RB987652	22,81	2,62	2,86
RB987653	23,10	2,88	2,91
RB987656	24,24	2,76	2,72
RB987657	23,32	2,98	2,94
RB987659	24,70	2,60	2,79
RB987661	23,21	2,37	2,45
RB987662	23,27	2,47	2,76
RB987663	23,95	2,36	2,59
RB987665	24,99	2,32	2,86
RB987666	23,78	2,74	2,81
RB987667	23,44	2,81	2,62
RB987670	23,84	2,69	2,67
RB987671	23,38	2,90	2,47
RB987672	23,67	2,02	2,64
RB987673	21,26	2,87	2,86
RB987674	23,67	2,50	2,76
RB987677	24,99	2,26	2,86

Tabela 13. Cont.

	CARACTERES		
	BRIX (%)	AC (m)	DIA (cm)
Média geral	23,27	2,51	2,76
Média 26 genots. sups.	24,70	2,85	3,06
Valor genot. mínimo	19,95	1,96	2,13
Valor genot. máximo	25,79	3,30	3,28

Tabela 14. Valores genotípicos ($\mu + g$) dos 130 genótipos de cana-de-açúcar, preditos pelo procedimento BLUP/REML do “software” Selegen, para os caracteres altura de colmos (AC), Brix, diâmetro de colmos (DIA), número de colmos por metro (NCM), peso médio do colmo (PMC), produção estimada de colmos por parcela (PE), toneladas de Brix por hectare (TBH), toneladas de colmos por hectare (TCH) avaliados no segundo corte da segunda fase de seleção (T2). Viçosa, 2006.

GENÓTIPOS	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
RB987503	2,23	18,44	2,79	7,31	1,87	46,95	22,87	123,50
RB987504	2,09	19,35	2,53	8,36	1,22	47,49	16,69	89,70
RB987505	2,23	19,35	2,54	11,00	1,41	60,92	28,88	148,00
RB987506	2,25	19,06	2,59	10,00	1,65	61,55	30,57	159,64
RB987507	1,91	19,84	2,66	7,11	1,20	40,96	15,74	80,14
RB987508	2,19	18,11	2,41	9,66	1,37	50,46	17,54	98,85
RB987509	2,30	19,08	2,78	9,79	1,79	62,96	32,17	167,00
RB987510	2,25	18,07	2,41	9,54	1,29	53,15	18,97	106,65
RB987511	2,13	19,34	2,54	10,95	1,65	65,31	35,72	184,12
RB987514	2,30	17,82	2,41	8,08	1,22	45,09	16,37	93,48
RB987515	2,52	19,98	2,41	11,17	1,23	65,43	26,87	135,03
RB987516	2,47	19,08	2,28	7,75	1,41	43,35	20,62	108,59
RB987517	2,41	19,38	2,17	12,28	1,44	68,49	34,06	173,59
RB987518	2,41	19,36	2,29	10,11	1,24	56,62	21,47	110,13
RB987521	2,34	17,56	2,54	8,50	1,31	55,83	17,98	102,93
RB987522	2,15	17,84	2,52	9,13	1,75	53,92	28,91	155,96
RB987524	2,52	18,61	2,53	10,63	1,77	64,88	30,20	163,37
RB987525	2,11	17,63	2,62	6,43	1,30	45,82	17,34	81,19
RB987526	2,04	18,73	2,16	13,56	1,20	59,40	27,33	141,94
RB987527	2,30	18,46	2,66	10,31	1,22	61,52	25,45	135,68
RB987528	2,34	19,66	2,66	10,47	1,53	69,90	27,63	140,00
RB987529	2,45	17,99	2,30	10,48	1,53	57,59	25,42	140,97
RB987530	2,52	18,15	2,78	8,24	1,67	56,48	24,43	135,10
RB987531	2,15	17,85	2,35	10,30	1,40	52,16	22,88	125,81
RB987532	2,19	17,38	2,66	6,76	1,21	39,63	14,24	82,61
RB987533	2,13	19,06	2,42	10,21	1,53	57,11	28,66	149,08
RB987534	2,45	19,66	2,66	8,82	1,88	57,46	31,04	154,93
RB987535	2,15	19,66	2,77	9,74	1,75	61,76	30,87	155,79
RB987536	2,04	18,75	2,11	11,40	1,40	49,26	19,92	104,22
RB987537	2,36	19,21	2,28	12,37	1,30	66,26	33,62	172,41
RB987538	2,34	19,35	2,42	12,46	1,52	76,16	34,14	174,94
RB987539	2,12	18,02	2,54	7,45	1,31	46,16	17,37	96,52
RB987541	2,12	17,96	2,30	9,15	1,21	46,51	18,24	102,52
RB987542	2,15	17,98	2,40	8,15	1,21	46,86	17,05	93,94
RB987544	2,47	19,36	2,35	11,08	1,64	63,11	33,40	169,12
RB987545	2,15	19,04	2,65	10,93	1,28	61,84	27,67	146,24
RB987547	2,25	17,69	2,35	11,63	1,51	60,12	24,74	138,34
RB987548	2,28	18,59	2,51	6,57	1,70	42,47	18,08	100,37
RB987549	2,32	18,90	2,33	10,58	1,41	59,78	27,21	142,32
RB987550	2,25	18,44	2,59	10,02	1,60	51,42	25,70	134,69
RB987551	2,45	18,44	2,79	11,38	1,54	80,44	34,26	183,31

Tabela 14. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
RB987552	2,43	17,67	2,58	10,65	1,48	62,22	26,83	150,49
RB987553	2,36	17,70	2,71	8,94	1,41	62,39	22,77	129,68
RB987554	2,58	20,13	2,23	11,55	1,53	59,39	34,17	165,95
RB987555	2,12	18,73	2,38	10,90	1,26	51,93	22,85	121,53
RB987556	2,19	18,15	2,75	5,14	1,75	45,31	16,50	75,94
RB987557	2,30	18,45	2,17	9,46	1,22	47,79	23,35	124,66
RB987558	2,19	17,51	2,17	11,86	1,43	52,08	20,12	116,06
RB987559	2,52	19,51	2,78	10,47	1,45	64,95	28,88	148,91
RB987560	2,27	18,38	2,46	6,29	1,34	38,29	16,02	84,59
RB987561	2,68	18,74	2,52	11,15	2,10	81,78	42,89	223,96
RB987563	2,23	17,68	2,54	9,09	1,31	56,06	20,88	117,51
RB987564	2,36	16,75	2,35	13,73	1,31	69,49	28,95	167,29
RB987565	2,36	18,30	2,16	11,12	1,18	57,83	25,55	133,62
RB987566	2,21	19,35	2,70	10,51	1,19	63,74	23,38	120,04
RB987567	2,41	18,01	2,78	12,69	1,79	89,60	41,23	223,48
RB987569	2,21	18,61	2,21	9,79	1,19	49,62	21,05	111,04
RB987570	2,15	17,99	2,52	13,46	1,54	72,50	38,88	211,05
RB987571	2,19	18,93	2,41	6,60	1,34	39,01	16,96	91,36
RB987572	2,45	18,57	2,42	15,66	1,42	88,64	37,77	200,85
RB987573	2,26	17,84	2,52	13,37	1,32	77,57	30,87	169,70
RB987574	2,34	17,84	2,79	11,36	1,76	82,18	32,72	184,02
RB987575	2,36	18,12	2,47	11,10	1,77	67,14	33,25	183,67
RB987576	2,58	18,89	2,28	10,55	1,64	58,45	28,64	150,98
RB987577	2,21	17,88	2,70	9,32	1,43	56,37	22,86	126,05
RB987578	2,15	18,01	2,23	10,38	1,31	49,59	27,27	149,36
RB987579	2,47	18,61	2,40	10,01	1,54	60,15	29,14	155,20
RB987580	2,25	18,18	2,84	7,79	1,53	51,16	23,08	122,21
RB987582	2,36	18,76	2,64	11,68	1,53	68,58	31,50	164,81
RB987584	2,32	18,61	2,70	10,18	1,42	62,93	28,60	152,77
RB987585	2,41	17,69	2,53	12,57	1,21	73,55	29,41	165,18
RB987586	2,30	19,67	2,66	7,65	1,56	53,59	24,83	126,41
RB987587	2,15	17,83	2,89	10,97	1,33	79,70	22,12	122,88
RB987588	2,54	17,70	2,33	11,32	1,21	61,98	22,88	128,38
RB987590	2,19	18,59	2,41	11,09	1,21	62,48	27,96	149,01
RB987591	2,45	18,75	2,30	11,52	1,54	60,88	32,56	171,82
RB987592	2,19	17,70	2,66	6,78	1,34	43,76	14,52	81,66
RB987593	2,27	17,78	2,35	10,12	1,48	49,24	22,08	126,12
RB987595	2,30	19,05	2,41	11,20	1,24	59,60	20,09	107,24
RB987596	2,15	17,96	2,52	10,99	1,38	57,49	20,80	117,35
RB987597	2,09	17,07	2,53	8,72	1,33	53,60	18,06	106,99
RB987598	2,34	19,54	2,42	9,44	1,36	55,91	25,43	131,04
RB987600	2,15	17,53	2,28	10,00	1,29	52,25	21,05	118,34
RB987602	2,58	19,24	2,52	9,89	1,76	65,62	35,61	182,82
RB987606	2,41	19,33	2,49	6,65	1,37	39,17	15,84	82,67
RB987607	2,47	18,75	2,35	9,46	1,30	56,92	24,23	126,99

Tabela 14. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
RB987608	2,32	17,98	2,21	17,16	1,19	93,48	37,65	207,93
RB987609	2,41	18,76	2,66	9,70	1,54	62,67	27,55	144,15
RB987610	2,56	17,39	2,67	9,60	1,77	64,68	28,18	158,11
RB987612	2,34	17,07	2,66	11,23	1,42	78,34	27,86	162,30
RB987613	2,36	19,37	2,65	8,63	1,75	56,51	25,78	131,37
RB987614	2,34	18,92	2,30	13,37	1,19	72,76	32,43	168,14
RB987619	2,15	19,05	2,47	10,70	1,34	55,40	22,86	119,02
RB987620	2,47	18,89	2,47	13,86	1,76	86,80	43,48	227,74
RB987623	2,36	19,06	2,59	11,62	1,55	69,05	34,04	175,38
RB987625	2,36	19,36	2,23	12,97	1,65	65,10	36,53	184,02
RB987627	2,23	19,51	2,42	8,56	1,32	48,24	23,37	119,78
RB987628	2,47	17,84	2,64	9,21	1,75	53,30	26,14	144,96
RB987630	2,32	19,21	2,70	10,84	1,30	67,21	28,05	142,73
RB987634	1,91	18,24	2,32	6,34	1,40	35,59	17,68	84,08
RB987635	2,56	19,36	2,54	10,90	1,53	67,81	31,82	160,67
RB987636	2,12	19,65	2,18	10,42	1,18	48,03	19,32	99,83
RB987637	2,25	20,26	2,23	13,00	1,21	59,27	29,08	142,33
RB987638	2,36	18,15	2,35	10,08	1,42	56,80	24,80	136,50
RB987640	2,68	18,16	2,52	10,63	1,41	64,42	28,38	153,02
RB987641	2,47	18,13	2,89	9,34	1,75	70,34	27,51	148,96
RB987644	2,21	17,55	2,21	8,92	1,40	48,14	15,43	85,58
RB987645	2,58	17,71	2,77	9,98	1,77	75,91	33,60	185,85
RB987646	2,25	19,37	2,35	9,27	1,36	50,00	23,01	117,75
RB987647	2,40	19,16	2,24	7,69	1,46	45,44	21,25	109,35
RB987648	2,47	19,21	2,47	11,55	1,31	63,37	28,25	144,60
RB987649	2,20	18,35	2,40	6,43	1,42	38,85	16,66	92,00
RB987651	2,21	18,48	2,58	10,24	1,77	61,36	34,45	178,32
RB987652	2,36	19,20	2,23	10,71	1,19	60,20	27,92	143,55
RB987653	2,21	18,61	2,33	8,44	1,30	48,03	19,24	100,68
RB987656	2,04	20,29	2,35	9,30	1,30	46,35	23,38	116,26
RB987657	2,58	19,06	2,59	8,15	1,53	55,25	24,35	126,92
RB987659	2,43	18,90	2,46	10,37	1,65	58,50	31,25	164,71
RB987661	2,21	17,09	2,33	9,75	1,43	49,56	21,01	121,34
RB987662	2,21	17,97	2,33	10,83	1,30	57,22	23,26	129,40
RB987663	2,21	18,64	2,33	12,63	1,45	56,28	25,67	135,47
RB987665	2,43	19,20	2,33	9,20	1,30	51,28	22,76	117,68
RB987666	2,64	19,37	2,58	10,87	1,75	80,47	37,49	189,01
RB987667	2,43	17,98	2,58	9,49	2,21	62,60	36,38	199,97
RB987670	2,00	19,20	2,21	11,76	1,19	53,16	27,68	143,59
RB987671	2,43	19,06	2,21	13,31	1,32	65,10	31,96	164,87
RB987672	2,32	20,12	2,21	9,59	1,71	50,39	28,79	143,88
RB987673	2,54	18,00	2,82	8,80	1,86	63,98	29,70	164,46
RB987674	2,54	18,90	2,58	10,77	1,54	75,40	31,69	165,52
RB987677	2,11	17,69	2,46	13,93	1,18	70,08	28,08	154,99

Tabela 14. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
Média geral	2,31	18,61	2,48	10,17	1,45	59,26	26,27	139,39
Média 26 genots. sups.	2,53	19,61	2,74	12,98	1,79	76,39	35,56	186,9
Valor genot. min.	1,91	16,75	2,11	5,13	1,18	35,59	14,24	75,94
Valor genot.max.	2,68	20,29	2,89	17,16	2,21	93,48	43,48	227,74
RB72454*	2,45	18,29	2,76	9,85	1,32	69,97	23,68	127,92
RB835486	2,25	20,18	2,87	7,10	1,42	48,60	19,58	94,49
RB855536	2,45	19,48	2,66	13,34	1,50	80,20	35,70	179,54
RB928064	2,08	19,57	2,52	10,07	1,39	54,47	28,44	145,19

*Cultivares-padrão

Tabela 15. Valores genotípicos ($\mu + g$) dos 130 genótipos de cana-de-açúcar, preditos pelo procedimento BLUP/REML do “software” Selegen, para os caracteres altura de colmos (AC), Brix, diâmetro de colmos (DIA), número de colmos por metro (NCM), peso médio do colmo (PMC), produção estimada de colmos por parcela (PE), toneladas de Brix por hectare (TBH), tonelada de colmos por hectare (TCH) avaliados no terceiro corte da segunda fase de seleção (T2). Viçosa, 2006.

GENÓTIPOS	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
RB987503	2,03	20,72	2,57	6,95	1,40	23,33	23,04	109,42
RB987504	2,03	20,73	2,21	7,18	1,28	17,68	16,60	80,02
RB987505	2,03	20,32	2,24	10,15	1,28	22,82	22,33	109,91
RB987506	2,15	19,77	2,33	13,05	1,29	38,77	30,75	154,44
RB987507	1,78	20,49	2,24	7,92	1,45	13,29	14,61	69,86
RB987508	2,03	19,64	2,21	6,12	1,34	16,19	12,63	65,66
RB987509	2,03	20,44	2,44	14,77	1,31	42,12	39,77	191,21
RB987510	2,20	19,41	2,04	6,87	1,33	15,29	14,59	77,36
RB987511	2,03	20,70	2,46	12,43	1,31	34,56	31,01	149,58
RB987514	2,04	19,89	2,10	7,78	1,28	19,49	18,19	90,89
RB987515	2,03	20,63	2,10	10,99	1,28	27,97	27,77	132,00
RB987516	2,12	20,62	2,25	7,65	1,31	21,97	21,33	100,80
RB987517	2,03	20,65	2,21	8,89	1,34	22,22	24,53	118,76
RB987518	2,03	20,39	2,44	6,92	1,34	22,16	18,64	91,89
RB987521	2,03	19,18	2,35	7,16	1,31	18,79	14,52	75,30
RB987522	2,02	19,50	2,47	11,20	1,31	32,27	28,24	145,10
RB987524	2,03	19,43	2,33	12,64	1,28	39,14	27,47	140,53
RB987525	2,05	19,39	2,51	5,87	1,32	18,54	13,20	69,13
RB987526	1,91	20,19	2,13	12,24	1,28	25,85	23,90	118,94
RB987527	2,03	19,96	2,55	9,67	1,34	30,16	23,71	118,37
RB987528	2,03	20,46	2,46	6,56	1,37	18,22	19,73	95,64
RB987529	2,14	19,39	2,46	9,08	1,28	25,93	21,01	107,36
RB987530	2,14	19,67	2,66	7,42	1,42	26,35	23,31	118,59
RB987531	2,04	19,65	2,22	7,07	1,29	17,29	15,07	75,95
RB987532	2,03	19,45	2,55	6,94	1,40	18,19	15,11	78,51
RB987533	1,92	20,12	2,12	7,06	1,37	17,90	17,03	84,54
RB987534	2,03	21,06	2,57	9,44	1,40	33,05	32,05	148,92
RB987535	2,02	21,04	2,36	9,44	1,37	25,71	27,65	128,84
RB987536	2,04	20,47	1,99	10,79	1,29	21,20	24,67	119,88
RB987537	2,23	20,11	2,36	14,08	1,28	38,94	29,93	145,00
RB987538	2,03	20,22	2,24	13,10	1,31	34,41	28,49	141,97
RB987539	2,14	19,79	2,35	5,69	1,40	14,28	14,88	74,82
RB987541	1,92	20,58	2,16	6,54	1,38	15,19	17,41	83,97
RB987542	1,90	19,85	2,15	8,90	1,29	19,64	17,48	88,70
RB987544	2,04	20,82	2,44	11,11	1,32	30,51	30,86	145,22
RB987545	2,02	20,31	2,47	10,16	1,31	29,50	25,21	122,99
RB987547	2,04	19,39	2,33	9,08	1,32	22,42	19,07	98,43
RB987548	1,91	19,63	2,21	5,71	1,29	14,94	12,92	68,95
RB987549	2,12	20,25	2,21	11,01	1,29	28,00	26,25	131,48
RB987550	2,04	20,46	2,22	9,89	1,30	22,77	20,65	99,66
RB987551	2,03	19,90	2,57	10,21	1,34	32,52	27,97	140,67

Tabela 15. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
RB987552	2,01	19,43	2,32	8,19	1,34	23,93	21,59	111,14
RB987553	2,04	20,15	2,22	9,78	1,29	27,14	24,88	121,76
RB987554	2,15	20,35	2,22	14,46	1,33	36,20	32,83	159,14
RB987555	2,01	19,94	2,23	8,18	1,30	19,04	20,33	100,21
RB987556	2,20	19,58	2,76	6,61	1,39	24,41	18,68	94,72
RB987557	2,03	20,05	2,10	10,73	1,29	20,63	18,15	89,35
RB987558	2,03	19,30	2,10	9,39	1,31	22,03	19,13	98,61
RB987559	2,04	20,76	2,44	8,15	1,34	22,26	23,27	110,69
RB987560	2,02	19,86	2,15	6,08	1,29	14,07	12,50	64,16
RB987561	2,45	20,40	2,47	14,50	1,34	50,61	40,28	210,18
RB987563	1,92	19,74	2,35	8,76	1,28	21,15	19,89	99,33
RB987564	2,04	19,63	2,22	13,20	1,29	32,75	29,67	151,42
RB987565	2,02	20,22	2,36	11,76	1,28	31,47	27,27	132,56
RB987566	2,01	20,39	2,44	10,24	1,32	30,71	25,50	124,02
RB987567	2,03	20,07	2,55	13,42	1,31	43,38	34,53	169,71
RB987569	2,01	20,20	2,32	8,00	1,39	21,25	20,66	101,12
RB987570	2,02	19,86	2,24	14,20	1,31	36,31	35,89	180,60
RB987571	2,04	20,08	2,55	5,91	1,34	16,03	13,92	69,62
RB987572	2,25	20,32	2,46	15,89	1,34	48,44	42,29	203,11
RB987573	2,02	19,74	2,36	13,68	1,31	38,05	30,44	153,91
RB987574	2,03	19,63	2,69	10,28	1,31	34,67	27,81	140,93
RB987575	2,04	20,10	2,56	11,28	1,32	33,91	31,70	155,94
RB987576	2,02	20,33	2,25	8,74	1,34	23,37	23,29	113,11
RB987577	2,01	19,99	2,44	8,97	1,34	27,91	24,40	120,50
RB987578	2,04	19,18	2,22	10,83	1,32	23,00	21,00	108,94
RB987579	2,13	20,31	2,25	10,35	1,40	30,79	32,94	153,36
RB987580	2,04	20,03	2,44	7,23	1,32	23,73	21,99	107,27
RB987582	2,02	20,59	2,25	12,19	1,37	29,84	34,14	162,28
RB987584	2,01	20,06	2,55	11,13	1,32	39,22	28,48	141,07
RB987585	2,03	20,29	2,44	10,68	1,34	28,66	28,78	140,26
RB987586	1,93	19,92	2,55	7,13	1,42	22,46	21,57	107,08
RB987587	2,02	19,14	2,58	9,57	1,34	28,24	24,29	127,21
RB987588	2,01	19,58	2,21	11,16	1,29	31,31	25,71	130,51
RB987590	2,03	20,04	2,44	10,20	1,37	30,07	28,47	141,33
RB987591	2,03	20,00	2,24	12,94	1,37	31,47	35,81	177,79
RB987592	2,03	20,32	2,33	6,16	1,31	17,05	15,33	74,70
RB987593	1,92	19,38	2,35	10,18	1,29	27,63	22,00	112,55
RB987595	2,03	20,38	2,21	9,01	1,34	23,02	20,94	101,94
RB987596	1,80	19,46	2,25	6,68	1,43	15,39	16,09	83,96
RB987597	2,05	19,40	2,13	8,18	1,35	22,06	19,59	102,39
RB987598	2,14	19,93	2,46	10,41	1,34	30,27	29,13	143,31
RB987600	2,02	19,37	2,13	8,43	1,29	18,42	16,61	85,41
RB987602	2,23	20,27	2,47	11,10	1,34	36,00	30,07	147,48
RB987606	2,05	20,58	2,41	6,74	1,32	17,22	16,11	78,86
RB987607	2,04	20,23	2,44	8,60	1,32	24,93	25,27	123,81

Tabela 15. Cont.

GENÓTIPOS	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
RB987608	2,01	20,16	2,21	15,67	1,32	37,51	38,32	185,55
RB987609	2,14	20,51	2,55	9,82	1,37	32,79	28,37	137,76
RB987610	2,14	19,05	2,57	8,60	1,37	29,89	23,10	122,71
RB987612	2,03	19,40	2,46	13,79	1,37	43,12	39,27	202,19
RB987613	2,12	20,70	2,36	7,61	1,40	22,12	24,15	113,52
RB987614	2,03	20,37	2,24	12,25	1,31	29,21	28,45	138,48
RB987619	2,04	19,74	2,56	8,94	1,32	27,90	22,90	117,98
RB987620	2,36	20,11	2,45	16,54	1,34	57,63	48,19	232,37
RB987623	2,04	20,63	2,44	11,88	1,29	35,07	32,35	154,31
RB987625	1,93	20,35	2,22	12,25	1,34	26,50	28,74	138,34
RB987627	2,03	20,46	2,46	7,41	1,37	20,68	22,97	110,91
RB987628	2,23	19,85	2,58	9,91	1,31	36,96	25,59	126,99
RB987630	2,01	20,30	2,32	8,57	1,34	26,63	24,82	120,75
RB987634	2,03	19,19	2,34	7,23	1,30	16,66	15,66	80,74
RB987635	2,36	20,70	2,24	10,75	1,28	28,37	27,08	127,47
RB987636	2,03	20,80	2,12	7,42	1,37	16,54	17,06	82,30
RB987637	2,04	20,94	2,22	12,51	1,32	27,67	25,64	121,02
RB987638	2,15	19,78	2,22	10,38	1,29	26,39	23,88	119,08
RB987640	2,34	19,84	2,47	10,22	1,28	32,21	24,76	125,26
RB987641	2,23	19,62	2,69	8,40	1,43	30,50	28,28	145,08
RB987644	2,01	19,45	2,55	7,32	1,37	21,25	20,70	105,16
RB987645	2,02	19,67	2,70	10,98	1,40	39,29	33,30	169,81
RB987646	1,91	20,00	2,21	6,81	1,32	17,86	16,08	81,52
RB987647	2,03	20,09	2,21	7,40	1,29	21,61	16,70	83,18
RB987648	1,93	20,23	2,33	10,72	1,49	27,77	21,69	106,34
RB987649	2,04	19,56	2,34	6,29	1,33	16,56	15,88	80,77
RB987651	2,01	20,58	2,55	10,07	1,29	31,40	26,95	126,54
RB987652	2,04	20,22	2,33	8,02	1,35	23,86	22,18	108,53
RB987653	2,12	20,06	2,21	8,88	1,29	23,98	21,06	101,57
RB987656	1,93	20,84	2,33	7,72	1,29	20,38	17,87	84,65
RB987657	2,15	20,83	2,44	9,34	1,34	32,00	32,59	152,97
RB987659	2,12	20,41	2,55	9,69	1,43	35,76	33,56	160,88
RB987661	2,12	19,74	2,21	8,95	1,32	21,27	19,10	96,21
RB987662	2,01	20,15	2,32	9,17	1,32	25,33	23,92	117,75
RB987663	2,01	19,61	2,21	13,55	1,30	27,50	27,27	138,07
RB987665	2,01	20,29	2,32	8,30	1,34	24,55	21,37	105,74
RB987666	2,34	20,76	2,21	13,26	1,32	40,05	35,95	169,08
RB987667	2,34	19,91	2,32	14,67	1,29	50,60	38,11	188,55
RB987670	2,12	20,01	2,21	15,11	1,29	34,13	32,04	159,19
RB987671	2,12	20,67	2,21	14,55	1,32	36,12	31,75	152,65
RB987672	1,90	21,11	2,44	8,44	1,32	21,92	20,48	95,26
RB987673	2,34	20,28	2,55	9,12	1,46	34,15	34,48	168,60
RB987674	2,12	20,16	2,33	11,04	1,34	34,27	33,82	161,83
RB987677	2,01	19,80	2,66	14,13	1,29	41,37	33,92	170,18

Tabela 15. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
Média geral	2,06	20,09	2,36	9,85	1,33	27,55	24,92	122,87
Média 26 genots. sups.	2,22	20,72	2,58	13,87	1,40	39,95	35,25	172,27
Valor genot. min.	1,78	19,05	1,99	5,69	1,28	13,29	12,50	64,16
Valor genot.max.	2,45	21,11	2,76	16,54	1,49	57,63	48,19	232,37
RB72454*	2,01	20,14	2,57	8,76	1,42	28,27	24,45	120,79
RB835486	1,97	21,00	2,71	6,55	1,43	21,15	19,18	90,14
RB855536	2,18	20,77	2,43	15,10	1,33	44,92	41,90	198,75
RB928064	2,04	20,02	2,64	10,39	1,22	30,11	26,59	130,40

*Cultivares-padrão

Tabela 16. Valores genotípicos ($\mu + g$) dos 130 genótipos de cana-de-açúcar, preditos pelo procedimento BLUP/REML do “software” Selegen, para os caracteres altura de colmos (AC), Brix, diâmetro de colmos (DIA), número de colmos por metro (NCM), peso médio do colmo (PMC), produção estimada de colmos por parcela (PE), toneladas de Brix por hectare (TBH), toneladas de colmos por hectare (TCH) considerando a média dos cortes da segunda fase de seleção (T2). Viçosa, 2006.

GENÓTIPOS	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
RB987503	2,18	19,79	2,78	8,16	1,63	34,08	22,89	116,11
RB987504	2,10	19,91	2,36	9,29	1,21	29,67	16,34	82,78
RB987505	2,07	19,70	2,25	10,56	1,20	39,65	26,05	129,24
RB987506	2,19	19,32	2,45	11,20	1,38	48,99	30,58	157,29
RB987507	1,83	17,37	2,39	6,67	1,45	21,94	12,99	65,11
RB987508	2,10	18,90	2,23	8,42	1,30	30,27	14,45	79,48
RB987509	2,10	19,70	2,76	12,27	1,47	50,59	35,75	179,33
RB987510	2,14	18,80	2,18	7,77	1,26	29,98	15,91	88,70
RB987511	2,07	19,94	2,65	10,45	1,46	49,33	33,71	169,17
RB987514	2,10	18,83	2,23	8,70	1,21	29,97	16,91	90,16
RB987515	2,10	20,05	2,36	10,54	1,21	44,78	27,30	132,18
RB987516	2,29	19,49	2,23	7,31	1,37	30,95	20,61	103,36
RB987517	2,10	19,84	2,10	10,17	1,38	43,15	29,24	146,11
RB987518	2,22	19,81	2,23	9,10	1,21	38,55	19,48	98,92
RB987521	2,30	18,52	2,52	8,45	1,29	34,89	16,27	87,37
RB987522	2,06	18,62	2,63	10,14	1,37	41,83	28,68	151,38
RB987524	2,45	18,97	2,50	10,63	1,29	51,11	28,64	151,33
RB987525	2,13	17,16	2,44	8,61	1,24	29,42	13,19	71,80
RB987526	2,06	19,27	2,10	10,25	1,21	40,78	25,35	130,69
RB987527	2,10	19,34	2,63	9,29	1,21	44,63	24,41	125,94
RB987528	2,18	19,83	2,52	8,66	1,46	41,71	24,05	117,97
RB987529	2,30	18,88	2,25	9,56	1,46	41,79	23,23	124,41
RB987530	2,33	18,88	2,76	9,02	1,56	40,38	23,63	126,17
RB987531	2,07	18,79	2,19	8,60	1,21	32,84	18,75	99,90
RB987532	2,10	18,66	2,63	7,35	1,30	27,09	14,47	77,85
RB987533	2,07	19,50	2,12	9,56	1,37	35,42	23,04	116,75
RB987534	2,19	20,41	2,65	10,36	1,64	45,14	31,94	153,21
RB987535	2,06	20,22	2,49	9,17	1,46	41,64	29,50	143,03
RB987536	2,07	19,53	2,19	10,76	1,35	33,33	22,04	110,88
RB987537	2,17	19,64	2,23	12,05	1,29	51,90	31,85	159,55
RB987538	2,30	19,67	2,52	10,88	1,37	54,25	31,41	159,20
RB987539	2,07	18,98	2,52	7,55	1,46	28,21	15,92	84,00
RB987541	1,95	19,27	1,99	8,12	1,32	26,18	16,30	85,49
RB987542	1,94	17,65	2,10	8,81	1,21	28,35	16,08	84,64
RB987544	2,19	19,94	2,19	10,51	1,38	45,23	32,30	157,39
RB987545	2,06	19,40	2,63	9,95	1,20	44,80	26,20	134,27
RB987547	2,07	18,56	2,32	9,49	1,29	39,52	21,48	117,48
RB987548	2,07	19,20	2,49	7,44	1,41	25,48	15,68	83,46
RB987549	2,15	19,40	2,15	9,57	1,29	41,97	26,69	137,87
RB987550	2,07	19,42	2,32	9,24	1,30	34,93	22,70	116,22
RB987551	2,18	19,28	2,65	10,19	1,38	56,14	31,75	163,61

Tabela 16. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
RB987552	2,27	18,57	2,15	8,96	1,51	37,22	21,38	116,57
RB987553	2,07	18,98	2,58	9,21	1,20	42,56	23,70	124,74
RB987554	2,31	20,02	2,19	11,58	1,29	46,69	33,52	163,43
RB987555	2,04	19,44	2,18	8,64	1,22	33,99	21,86	111,73
RB987556	2,24	18,89	2,44	8,87	1,62	36,26	15,09	63,92
RB987557	2,10	19,36	2,23	10,53	1,21	31,40	20,43	105,68
RB987558	2,10	18,43	2,10	10,77	1,21	35,44	19,18	105,60
RB987559	2,10	20,01	2,63	9,45	1,39	42,00	26,02	129,72
RB987560	2,06	19,15	2,26	7,69	1,21	23,35	13,95	72,09
RB987561	2,52	18,19	2,63	11,76	1,72	66,82	38,57	219,45
RB987563	2,07	18,83	2,52	9,60	1,20	36,66	20,33	108,30
RB987564	2,19	18,44	2,32	12,07	1,21	50,34	29,31	160,02
RB987565	2,06	19,35	2,23	11,18	1,20	44,39	26,62	133,11
RB987566	2,03	19,63	2,55	10,31	1,29	46,66	24,31	121,71
RB987567	2,22	19,10	2,76	11,49	1,48	65,67	37,80	197,29
RB987569	2,15	19,33	2,15	8,01	1,38	34,61	20,67	105,19
RB987570	2,06	18,93	2,36	11,56	1,29	53,63	37,51	198,05
RB987571	2,10	19,50	2,36	8,57	1,39	25,38	15,18	78,07
RB987572	2,42	19,50	2,39	12,96	1,29	69,48	40,22	203,83
RB987573	2,17	19,01	2,36	11,21	1,29	57,53	30,93	162,83
RB987574	2,18	18,83	2,78	11,10	1,46	58,14	30,68	163,73
RB987575	2,07	19,02	2,58	9,85	1,47	49,75	32,67	171,17
RB987576	2,41	19,44	2,23	10,34	1,37	39,55	25,82	131,54
RB987577	2,03	19,07	2,55	9,74	1,38	42,31	23,71	123,44
RB987578	2,07	18,37	2,19	9,46	1,38	34,08	24,37	129,25
RB987579	2,29	18,16	2,23	11,27	1,47	44,87	29,02	155,40
RB987580	2,07	18,99	2,85	8,68	1,47	35,08	22,44	113,53
RB987582	2,06	19,70	2,36	11,09	1,46	48,02	32,77	164,14
RB987584	2,27	19,23	2,68	10,63	1,46	51,32	28,58	147,97
RB987585	2,10	19,13	2,50	10,56	1,21	49,93	29,05	152,16
RB987586	2,10	19,76	2,63	8,41	1,56	36,29	23,22	115,81
RB987587	2,06	18,48	2,76	9,96	1,20	51,59	23,10	123,94
RB987588	2,15	18,63	2,15	10,22	1,20	46,73	24,11	129,71
RB987590	2,10	19,42	2,50	9,62	1,29	45,08	28,19	144,18
RB987591	2,18	19,41	2,12	11,20	1,46	45,00	34,40	175,66
RB987592	2,10	19,11	2,63	8,52	1,30	27,67	14,43	75,59
RB987593	2,08	17,48	2,12	8,50	1,23	37,63	22,28	118,78
RB987595	2,10	19,68	2,23	10,56	1,29	40,06	20,61	102,92
RB987596	1,94	18,64	2,23	9,10	1,40	33,05	18,12	99,58
RB987597	2,13	16,96	2,23	9,47	1,33	39,21	16,84	93,50
RB987598	2,30	19,63	2,25	10,09	1,29	42,63	27,48	137,21
RB987600	2,06	18,46	2,10	9,06	1,20	33,12	18,80	100,76
RB987602	2,41	19,51	2,49	11,13	1,55	49,96	33,18	166,00
RB987606	2,10	20,02	2,30	8,27	1,22	26,38	15,87	78,90
RB987607	2,31	19,47	2,32	8,65	1,38	39,16	24,78	125,27

Tabela 16. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
RB987608	2,15	19,16	2,15	12,90	1,29	64,80	38,09	198,88
RB987609	2,10	19,69	2,63	9,58	1,55	46,67	27,90	140,02
RB987610	2,42	18,21	2,65	9,20	1,55	46,88	25,64	140,83
RB987612	2,19	18,51	2,65	10,93	1,46	61,65	33,97	183,38
RB987613	2,29	19,85	2,49	8,15	1,64	36,42	24,98	121,63
RB987614	2,07	19,63	2,25	10,67	1,28	50,23	30,79	154,07
RB987619	2,07	19,15	2,45	8,62	1,29	40,94	22,60	117,69
RB987620	2,42	19,42	2,32	12,76	1,47	72,78	46,09	232,52
RB987623	2,19	19,77	2,45	11,35	1,29	51,18	33,40	165,88
RB987625	2,07	19,67	2,19	10,74	1,47	42,87	32,37	162,18
RB987627	2,07	20,03	2,39	9,44	1,38	33,10	23,17	115,35
RB987628	2,29	18,87	2,49	9,37	1,54	44,40	25,96	135,88
RB987630	2,15	19,69	2,42	9,55	1,28	45,36	26,50	132,34
RB987634	2,08	18,50	2,33	7,96	1,24	26,78	16,28	72,17
RB987635	2,54	19,93	2,25	8,97	1,28	46,39	29,65	145,29
RB987636	2,07	20,15	2,12	9,26	1,28	30,40	17,98	89,37
RB987637	2,07	20,40	2,19	12,08	1,23	41,78	27,50	131,78
RB987638	2,07	19,00	2,19	8,78	1,29	40,22	24,39	127,63
RB987640	2,52	18,96	2,36	8,92	1,37	47,81	26,51	139,35
RB987641	2,41	18,80	2,76	9,09	1,63	49,67	27,91	147,50
RB987644	2,03	18,60	2,15	9,01	1,37	33,59	17,54	94,02
RB987645	2,29	18,79	2,76	9,54	1,55	57,00	33,81	179,48
RB987646	1,96	19,55	2,05	9,26	1,29	28,00	19,38	99,18
RB987647	2,07	19,51	2,18	8,62	1,22	31,38	18,95	95,34
RB987648	2,19	19,54	2,32	9,24	1,56	44,24	24,74	124,98
RB987649	2,10	18,73	2,35	7,34	1,36	25,35	16,31	84,20
RB987651	2,15	19,54	2,68	9,38	1,46	46,45	30,69	153,96
RB987652	2,19	19,56	2,32	8,92	1,38	40,69	25,04	125,92
RB987653	2,27	19,27	2,15	10,05	1,28	34,68	20,08	100,16
RB987656	1,96	20,25	2,19	8,39	1,21	30,28	19,85	94,72
RB987657	2,54	19,80	2,45	9,08	1,38	42,13	28,54	139,55
RB987659	2,27	19,46	2,42	10,77	1,63	47,98	32,74	164,44
RB987661	2,15	18,55	2,15	8,52	1,29	34,02	20,05	108,59
RB987662	2,04	18,91	2,28	8,69	1,28	40,37	23,44	123,57
RB987663	2,03	19,02	2,15	11,87	1,30	41,24	26,65	136,69
RB987665	2,04	19,48	2,15	8,79	1,37	37,73	22,01	111,07
RB987666	2,50	19,92	2,55	11,55	1,55	59,36	37,16	180,46
RB987667	2,39	18,89	2,55	12,86	1,64	56,65	37,43	196,00
RB987670	2,15	19,40	2,15	12,45	1,20	42,90	29,84	152,35
RB987671	2,39	19,82	2,15	10,47	1,20	51,28	32,09	160,18
RB987672	2,04	20,27	2,29	9,01	1,46	34,64	24,92	120,05
RB987673	2,39	19,07	2,82	9,91	1,72	49,23	32,23	167,87
RB987674	2,27	19,32	2,55	10,05	1,46	54,01	32,85	164,98
RB987677	2,03	18,85	2,42	12,27	1,20	56,45	31,21	163,40

Tabela 16. Cont.

	CARACTERES							
	AC (m)	BRIX (%)	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH	TCH
GENÓTIPOS								
Média geral	2,16	19,23	2,39	9,78	1,36	42,02	25,43	130,37
Média 26 genots. sups.	2,39	19,98	2,69	11,77	1,56	56,69	34,94	179,12
Valor genot. min.	1,83	16,96	1,99	6,67	1,20	21,94	12,99	63,92
Valor genot.max.	2,54	20,41	2,85	12,96	1,72	72,78	46,09	232,52
RB72454*	2,16	19,21	2,80	10,46	1,33	46,88	24,03	124,56
RB835486	2,05	20,19	2,87	8,55	1,42	33,50	18,87	91,31
RB855536	2,30	20,19	2,47	12,01	1,39	61,55	38,99	189,22
RB928064	2,06	19,74	2,54	10,36	1,14	41,72	27,63	138,90

*Cultivares-padrão