

ROGÉRIO DONIZETI DE CASTRO

**ANÁLISE BIOMÉTRICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR OBTIDOS
POR DIFERENTES SISTEMAS DE ACASALAMENTO**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2002

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

C355a
2002

Castro, Rogério Donizeti de, 1973-

Análise biométrica de clones de cana-de-açúcar obtidos
por diferentes sistemas de acasalamento / Rogério Donizeti
Castro. – Viçosa : UFV, 2002.

44p. : il.

Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de
Viçosa

1. Cana-de-açúcar - Cruzamento. 2. Cana-de-açúcar -
Parâmetros genéticos. 3. Cana-de-açúcar - Clones - Sele-
ção. 4. Delineamento de Blocos Aumentados - Metodolo-
gia. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 19.ed. 633.613

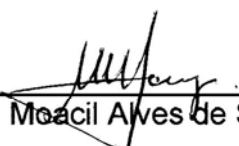
CDD 20.ed. 633.613

ROGÉRIO DONIZETI DE CASTRO

**ANÁLISE BIOMÉTRICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR OBTIDOS
POR DIFERENTES SISTEMAS DE ACASALAMENTO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do Título de *Magister Scientiae*.

Aprovada em: 30 de abril de 2002


Prof. Moacil Alves de Souza


Prof. Tocio Sedyama


Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)


Prof. Luiz Alexandre Peternelli
(Conselheiro)


Prof. Márcio Henrique Pereira Barbosa
(Orientador)

A Deus.
A Nossa Senhora de Aparecida.
Aos meus pais, Onofre e Maria Amélia.
A Solenir.

AGRADECIMENTO

A Deus, pelo amor, pelo cuidado e pela paz.

A Nossa Senhora de Aparecida que em muitos momentos de angústia ela cobriu-me com seu manto.

À Universidade Federal de Viçosa, por intermédio do Departamento de Fitotecnia, que tornou possível a realização deste trabalho.

Aos funcionários do Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar (CECA), que diretamente ou indiretamente participaram deste trabalho.

Aos funcionários do Campo Experimental Fundão, próximo ao aeroporto, pela ajuda na condução do trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo suporte financeiro.

Ao Professor Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela orientação, pela compreensão, pelos ensinamentos e pelo apoio indispensáveis para a realização do trabalho.

Aos Professores Conselheiros Cosme Damião Cruz e Luiz Alexandre Peternelli, pelas valiosas sugestões e orientações.

Aos meus pais, pela vida e amor, pelos ensinamentos e confianças.

Aos meus irmãos, cunhados e sobrinhos, por me proporcionarem momentos de alegria e paz.

A Solenir, pelo amor, amizade e pela compreensão nas horas difíceis.

Aos amigos, Alessandro, Apoliany, Cristine, Carlos Henrique, Elen, Eliene, Flávia, Juninho, Manoel Ricardo, Sandro, Ricardo (Buiu), Ronaldo e Thaís pela amizade e convivência.

BIOGRAFIA

ROGÉRIO DONIZETI DE CASTRO, filho de Onofre Gonçalves de Castro e Maria Amélia Freitas de Castro, nasceu em Ribeirão Preto, Estado de São Paulo, em 24 de agosto de 1973.

Em 1995 iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, graduando-se em 2000.

Em março de 2000, iniciou o curso de Mestrado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa, na área de melhoramento de plantas e biotecnologia, defendendo tese em abril de 2002.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO.....	ix
ABSTRACT.....	xi
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	4
2.1 Material.....	4
2.2 Detalhes experimentais.....	6
2.3 Caracteres agronômicos avaliados.....	6
2.4 Análises estatísticas.....	8
2.4.1 Análise de variância.....	8
2.4.2 Teste de médias.....	12
2.4.3 Estimativas dos parâmetros genéticos.....	12
2.5 Estimativa da herdabilidade no sentido amplo (h^2_a).....	13
2.6 Coeficiente de variação genético e ambiental.....	14
2.7 Coeficiente de correlação genética.....	15
2.8 Seleção de clones.....	16
2.8.1 Estimativas do ganho com a seleção (GS).....	16
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	17
3.1 Análise de variância para os sistemas de acasalamento.....	17
3.2 Teste de média para sistemas de acasalamento.....	20
3.3 Análise de variância entre e dentro de famílias.....	21
3.4 Teste de média entre as famílias.....	21
3.5 Estimativas de parâmetros genéticos.....	23

3.5.1 Estimativas de parâmetros genéticos para os sistemas de acasalamento.....	23
3.5.2 Estimativas de parâmetros genéticos para famílias.....	24
3.5.3 Decomposição da variância genética entre e dentro de famílias...	26
3.5.4 Comparação de herdabilidade entre clones e famílias.....	27
3.5.5 Análise de trilha.....	28
3.6 Seleção de clones.....	31
4 CONCLUSÕES.....	40
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	41

RESUMO

CASTRO, Rogério Donizeti de, MS., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2002. **Análise biométrica de clones de cana-de-açúcar obtidos por diferentes sistemas de acasalamento.** Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Luiz Alexandre Peternelli.

As variedades de cana-de-açúcar têm sido obtidas tanto por meio de acasalamentos biparentais como por policruzamentos. Entretanto, são poucos os relatos na literatura sobre as estimativas de parâmetros genéticos e os resultados da seleção confrontando os diferentes sistemas de acasalamento. As sementes foram derivadas de 15 famílias provenientes dos acasalamentos biparentais, policruzamento e autofecundação e foram semeadas em casa de vegetação. Após aproximadamente 20 a 30 dias as plântulas foram transplantadas individualmente para campo espaçadas no sulco a 0,50m. As mudas para instalação do experimento foram obtidas na soca, em fevereiro de 2000. Neste mesmo mês, o experimento foi implantado no Campo Experimental Fundão, próximo ao aeroporto, pertencente à Universidade Federal de Viçosa. Cada unidade experimental foi constituída de um sulco de 2m de comprimento, espaçados 1,40m entre si. Em cada unidade, foram plantadas 36 gemas. O delineamento empregado foi o de blocos aumentados, com as variedades RB855536 e SP80-1816 como tratamentos comuns em todos os blocos. Foram avaliados os caracteres: número de colmos, peso médio de colmos, Brix, comprimento médio de colmos, diâmetro médio de colmos, tonelada de colmos por hectare, tonelada de Brix por hectare e

produção estimada de colmos em kg. A partir das análises intrabloco, foram obtidas as médias ajustadas dos tratamentos regulares e essas foram utilizadas para compor duas novas análises de variância. O teste F foi significativo para todos os caracteres, indicando variabilidade genética entre os sistemas de acasalamento. As médias do acasalamento biparental não diferiram estatisticamente das médias do policruzamento. As médias das famílias obtidas por autofecundação para os caracteres Brix e número de colmos não apresentaram diferença acentuada em relação aos outros sistemas de acasalamentos. Já para os outros caracteres há evidências de elevada depressão endogâmica. As estimativas das variâncias genéticas e herdabilidades para os sistemas de acasalamentos foram de magnitudes semelhantes. A variância genética dentro de família representou grande parte da variância genética total para todos os caracteres, exceto para TCH, para o qual a variância genética entre famílias representou 78% da variância genética total. A herdabilidade da família foi maior do que a herdabilidade de clone para quase todos os caracteres.

ABSTRACT

CASTRO, Rogério Donizeti de, MS., Universidade Federal de Viçosa , April 2002. **Biometric analysis of sugar cane clones obtained by different mating systalks.** Adviser: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Committee members: Cosme Damião Cruz and Luiz Alexandre Peternelli.

The sugar cane varieties have been obtained both by biparental matings and by mid-parents. However, there are few reports in literature on the estimates of genetic parameters and the results of the selection confronting the different mating systalks. The seeds were derived from 15 coming families of the biparental matings, midparent and selfing and they were sowed in greenhouse. After approximately 20 to 30 days, the plantules were transplanted individually for field placed in the furrow with a half-meter space. The seedlings for installation of the experiment were obtained in a ratton in February 2000. In this same month, the experiment was implanted in “Campo Experimental Fundão”, close to the airport, belonging to the Universidade Federal de Viçosa. Each experimental unit was constituted of a furrow of 2m of length, spaced 1,40m amongst themselves. In each unit, 36 yolks were planted. The experimental design was augmented blocks with the varieties RB855536 and SP80-1816 as common treatments in all of the blocks. The characters evaluated were: number of stalks, average stalk weight, Brix, average stalk length , average stalk diameter, stalk tons for hectare, Brix tons for hectare and estimated stalk production in kg. The adjusted averages of the regular treatments were obtained from the intrablocks and were used to compound two new variance analyses. The F test was significant for all of the characters,

indicating genetic variability among the mating systalks. The averages of the biparental mating didn't differ statistically from the midparent averages. The families' averages obtained by selfing for the characters Brix and number of stalks didn't differ much in relation to the other mating systalks. However, for the other characters, there are evidences of high endogamic depression. The estimates of the genetic variances and heritability for the mating systalks had similar magnitudes. The genetic variance in the family represented a great part of the total genetic variance for all of the characters, except for TCH, for which the genetic variance among families represented 78% of the total genetic variance. The family heritability was larger than the clone one for almost all of the characters.

1 INTRODUÇÃO

O sucesso na obtenção de variedades altamente produtivas de cana-de-açúcar depende da identificação, a priori, dos genitores que serão utilizados em acasalamentos para a produção de progênes superiores e seleção dos melhores indivíduos.

Preferencialmente, devem-se escolher, para os acasalamentos, clones e cultivares desenvolvidos no País, pois estes geralmente apresentam níveis de produtividade elevados, alta adaptabilidade e estabilidade, além de associarem outras importantes características agroindustriais.

Segundo Griffing (1956), a escolha dos genitores ou a predição dos melhores cruzamentos podem ser realizadas usando-se a técnica dos cruzamentos dialélicos. Esse método baseia-se nos valores genéticos dos genitores e, principalmente, na sua capacidade de combinar-se em híbridos, que produzem populações segregantes promissoras. Apesar de ser uma excelente ferramenta na escolha dos genitores para os cruzamentos, tal método não tem sido muito utilizado nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar no Brasil.

A capacidade geral de combinação é definida como sendo o comportamento médio de um genitor em combinações híbridas e está relacionada aos efeitos gênicos aditivos, ou seja, quanto maior o valor da capacidade geral de combinação do genitor, este possuirá maior freqüência de alelos favoráveis (Sprague e Tatum, 1942). E ainda segundo esses autores, a capacidade específica de combinação, definida para certas combinações,

mostra-se relativamente melhor ou pior do que seria esperado com base na capacidade geral de combinação dos genitores envolvidos. A capacidade específica de combinação está relacionada com os efeitos gênicos não aditivos.

O efeito da capacidade específica de combinação é interpretado como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado, com base na capacidade geral de combinação de seus genitores, portanto servindo para evidenciar a importância de interações não aditivas, resultantes do acentuado grau de complementação gênica entre os genitores (Cruz e Regazzi, 1997).

Normalmente, interessa ao melhorista as combinações híbridas com médias elevadas, estimativas da capacidade específica de combinação mais favoráveis, que envolvam pelos menos um dos genitores que tenha apresentado o mais favorável efeito da capacidade geral de combinação (Cruz e Regazzi, 1997).

Estudos de genética quantitativa em cana-de-açúcar, como os conduzidos por Brown et al. (1968 e 1969), Horgath (1971a,b e 1977) e Hogarth et al. (1981) forneceram informações importantes que estão sendo utilizadas até hoje nos programas de seleção. Particularmente, esses estudos mostraram que a variância genética aditiva é mais importante que a não aditiva para a maioria dos caracteres de importância econômica, entre os quais o Brix, o número de colmo, o teor fibra e a resistência às doenças. A principal exceção é para a produção de cana, em que as variâncias genéticas aditiva e não aditiva parecem estar em mesmo grau de importância.

Bastos (2001) observou a predominância da variação devido aos efeitos gênicos aditivos para Brix e número de colmo, já os efeitos gênicos não aditivos foram superiores para os caracteres peso de colmo, tonelada de cana por hectare e tonelada de Brix por hectare.

O melhoramento genético da cana-de-açúcar baseia-se na seleção e clonagem de genótipos superiores de populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos sexuais entre indivíduos. A obtenção das populações segregantes no melhoramento da cultura da cana-de-açúcar é feita por meio de cruzamentos biparentais e múltiplo, este último denominado também de policruzamentos.

O cruzamento é denominado biparental quando os genitores masculinos e femininos são conhecidos. A vantagem deste tipo de cruzamento consiste em se conhecerem ambos os genitores, o que permite explorar a capacidade específica de combinação. Esse método de cruzamento é hoje o mais utilizado pelos melhoristas de cana-de-açúcar (Jackson et al., 1996). Entretanto, apresenta custo operacional maior, pois o melhorista só pode trabalhar com dois genitores de cada vez.

O método de policruzamento consiste em reunir grupos de genitores para se inter cruzarem. Faz-se então, a coleta das sementes em todas as plantas, de modo que só os genitores femininos sejam conhecidos, formando-se, assim, famílias de meio irmãos. Segundo Jackson et al. (1996) o programa de HSPA, no Havaí, utiliza exclusivamente o policruzamento na obtenção de seedlings.

A capacidade geral de combinação tem sido usada mais eficientemente para recomendar genitores a serem utilizados em policruzamentos, e a capacidade específica de combinação, para recomendar genitores para cruzamentos biparentais (Heinz e Tew, 1987).

Em ambos os métodos de cruzamento, há a possibilidade de ocorrer endogamia. Para controlar esse problema, pode-se fazer o uso da técnica de emasculação com água quente, como descrito por Machado et al. (1995). Entretanto, do ponto de vista prático, isso representa um custo adicional ao programa de melhoramento, haja visto o descarte dos possíveis clones endogâmicos logo nas primeiras fases de seleção, devido à redução no vigor e na produção.

As variedades atuais de cana-de-açúcar têm sido obtidas tanto por meio de cruzamentos biparentais como por policruzamentos. Entretanto, são poucos os relatos na literatura sobre as estimativas de parâmetros genéticos e resultados da seleção confrontando os diferentes sistemas de acasalamentos.

Diante do exposto, o presente trabalho teve os objetivos de avaliar os efeitos da endogamia e comparar a eficiência da seleção de clones em famílias de irmãos completos, meios irmãos e autofecundação.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material

Os acasalamentos RB751194 x SP70-1143, NA56-79 x RB91524, RB72454 x RB83102, RB8382 x SP79-2312, RB72454 x RB855036, CB45-3 x ?, RB83102 x ?, NA56-79 x ?, SP70-1143 x ? e a autofecundação da RB72454 ⊗ foram realizados na Estação de Cruzamento de Serra do Ouro, localizada em Murici, no Estado de Alagoas, sob a responsabilidade da equipe de melhoristas da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Alagoas - UFAL. A estação está situada a 9° 13' sul de latitude e 35° 50' oeste de longitude, altitude de 450 m, e 34 km de distância geográfica do litoral, com pluviosidade total anual de cerca de 2.000 mm e temperaturas médias mínima de 19,5 °C e média máxima de 26,5 °C. As autofecundações SP88-754 ⊗, SP84-2029 ⊗, SP88-819 ⊗ e SP81-1763 ⊗, foram realizadas na Estação de Cruzamentos da COPERSUCAR, em Camamu, no Estado da Bahia, localizada a 14° 39' sul de latitude.

As 15 famílias obtidas em acasalamentos biparentais, policruzamento e autofecundação estão relacionadas no Quadro 1.

As sementes, sem a retirada prévia de pêlos das cariopses, foram semeadas em casa de vegetação, no Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar – CECA, da Universidade Federal de Viçosa, localizado no município de Oratórios, no Estado de Minas Gerais, à 20° 25' sul de latitude e 42° 48' oeste de longitude e 494 m de altitude. Após aproximadamente 20 a 30

dias de emergência, transplantou-se individualmente cada genótipo para o saquinho plástico contendo substrato com areia, torta de filtro e terra de barranco peneirada. Os “seedlings” foram mantidos em viveiro coberto com sombrite, que proporcionava 50% de iluminação para aclimação até pleno enraizamento, com poda constante de folhas para evitar estiolamento.

Os “seedlings” foram transplantados em janeiro de 1999 e cortados sem seleção em julho do mesmo ano, conforme procedimento empregado pelo Programa de Melhoramento de Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa (Barbosa e Silveira, 2000). Os colmos para instalação do ensaio foram obtidos na soca dos “seedlings”, em fevereiro de 2000. O único critério para amostragem dos clones para o experimento foi de se ter touceiras com o mínimo de 36 gemas para compor a parcela experimental. Assim, considerou-se que os clones utilizados no ensaio constituíram uma amostra aleatória para as famílias, bem como para os sistemas de acasalamentos obtidos.

Quadro 1 - Número de clones avaliados das famílias de cana-de-açúcar obtidas por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação

Sistemas de acasalamento	Genitores	Família (f)	Números de clones por família (nc _f)
Biparental	RB751194 x SP70-1143	1	nc ₁ = 20
	NA56-79 x RB91524	2	nc ₂ = 20
	RB72454 x RB83102	3	nc ₃ = 20
	RB8382 x SP79-2312	4	nc ₄ = 17
	RB72454 x RB855036	5	nc ₅ = 20
Sub total			97
Policruzamento	CB45-3 x ?	6	nc ₆ = 20
	RB83102 x ?	7	nc ₇ = 20
	NA56-79 x ?	8	nc ₈ = 20
	RB855113 x ?	9	nc ₉ = 20
	SP70-1143 x ?	10	nc ₁₀ = 11
Sub total			91
Autofecundação	RB72454 ⊗	11	nc ₁₁ = 20
	SP88-754 ⊗	12	nc ₁₂ = 39
	SP84-2029 ⊗	13	nc ₁₃ = 16
	SP88-819 ⊗	14	nc ₁₄ = 18
	SP81-1763 ⊗	15	nc ₁₅ = 13
Sub total			106
Total			294

2.2 Detalhes experimentais

O experimento foi implantado no Campo Experimental Fundão, próximo ao aeroporto, da Universidade Federal de Viçosa. O plantio foi realizado em fevereiro de 2000. A contagem do número de colmos por parcela ocorreu em 15 de março de 2001. No mês de agosto, foram avaliados o comprimento e o diâmetro de colmos e o Brix. Após essas medidas, os colmos nas parcelas experimentais foram cortados e pesados.

Cada unidade experimental foi constituída de um sulco de 2m de comprimento, espaçados 1,40m entre si. Em cada parcela foram plantados doze toletes com três gemas cada totalizando 36 gemas por parcela. A adubação de plantio foi de 500 kg ha⁻¹ da fórmula 05-20-20.

O delineamento empregado foi o de blocos aumentados (Federer, 1956), com as variedades RB855536 e SP80-1816 como tratamentos comuns em todos os blocos. Os tratamentos foram distribuídos em vinte blocos, totalizando 334 parcelas experimentais.

2.3 Caracteres agronômicos avaliados

- Números de colmos (NC)

Após aproximadamente doze meses do plantio, foram contados todos os colmos das unidades experimentais, com exceção das brotações novas.

- Peso médio de colmos (PMC)

Foram colhidos aleatoriamente dez colmos de cada unidade experimental, sem despalha e desponte do colmos. A média do peso dos dez colmos representa o peso médio de colmos que é expresso em quilogramas.

- Peso de colmo da parcela (PCP)

As plantas de cada parcela foram cortadas e pesadas, sem despalha prévia e sem desponte dos colmos. Os valores, obtidos em kg, foram usados para estimar a produção de colmos por hectare.

- Brix

Foram realizadas três leituras do Brix por parcela, com o auxílio de refratômetro manual. Foi extraído o caldo da porção mediana do quinto internódio, contado a partir da base, com um pequeno furador metálico. Após a extração do caldo, foram colocadas algumas gotas do caldo sobre o prisma do refratômetro manual, para se obter a leitura do Brix, que expressa a porcentagem aparente, peso por peso, dos sólidos solúveis contidos em uma solução açucarada impura.

- Comprimento médio do colmo (CC)

Foram medidos os comprimentos de cinco colmos por parcela experimental, com o auxílio de uma trena em milímetros. O comprimento do colmo foi medido da base do colmo até o primeiro “dewlap”, ou cotovelo visível, tirando-se a média aritmética dos valores obtidos.

Sendo CC expresso em metros

- Diâmetro médio do colmo (DC)

Foram medidos os diâmetros de cinco colmos por parcela, na altura média do colmo, com o auxílio de um paquímetro em milímetros. Foi utilizada a média aritmética dos valores medidos para análise estatística.

Sendo DC dado em milímetro.

- Tonelada de colmos por hectare (TCH)

A tonelada de colmos por hectare foi estimada multiplicando-se o peso de colmos da parcela (PCP) pelo fator 3,571458, que é função do espaçamento e da transformação de quilos em toneladas.

- Tonelada de Brix por hectare (TBH)

A tonelada de Brix por hectare foi estimada por meio da multiplicação do TCH com o Brix dividido por 100.

- Produção estimada de colmos (PE)

A produção de colmos por parcela foi estimada por meio da equação:

$$PE = \pi \times NC \times CC \times \left(\frac{DC}{2} \right)^2 \times d \quad (1)$$

sendo PE dado em kg, considerou-se a densidade $d = 1000 \text{ kgm}^{-3}$

2.4 Análises estatísticas

2.4.1 Análise de variância

Os dados relativos a todos os caracteres foram submetidos à análise de variância conforme o Modelo (1), para o delineamento em blocos aumentados.

$$Y_{ij} = m + t_i + t_{(j)i} + b_j + e_{ij} \quad \text{Modelo (1).}$$

onde:

Y_{ij} : valor observado na parcela experimental do bloco j que recebeu o tratamento regular i ou o tratamento comum i' dentro do bloco j ;

m : efeito fixo da média geral $\therefore E(m) = m$ e $E(m^2) = m^2$;

t_i : efeito fixo do tratamento comum, $i' = 1, 2 \therefore E(t_i) = t_i$ e $E(t_i^2) = t_i^2$;

$t_{(j)i}$: efeito aleatório do tratamento regular (família) i dentro do bloco j ,

sendo $i = 1, 2, \dots, 294 \therefore t_{(j)i} \sim NID(0, \sigma^2_{t_{(j)i}})$;

b_j : efeito fixo do bloco j , sendo $j = 1, 2, \dots, 20$ $\therefore E(b_j) = 0$ e $E(b_j^2) = b_j^2$ e
 e_{ij} : efeito aleatório do erro experimental associado à parcela do bloco j que recebeu tratamento comum i' ou o tratamento regular i dentro do bloco j ,
 $e_{ij} \sim NID(0, \sigma^2)$.

A partir das análises intrablocos, foram obtidas as médias ajustadas dos tratamentos regulares, e essas foram utilizadas para compor uma nova análise de variância, conforme o Modelo (2) e o Quadro 2.

$$Y_{ik} = m + c_i + t_k + c_{(k)i} + \varepsilon \quad \text{Modelo (2)}$$

onde:

Y_{ik} : média ajustada do clone i da família clonal do tipo k ;

m : efeito fixo da média geral $\therefore E(m) = m$ e $E(m^2) = m^2$;

c_i : efeito aleatório do clone i ($i = 1, 2, \dots, 294$); $\therefore c_i \sim NID(0, \sigma_{ci}^2)$;

t_k : efeito fixo do sistema de acasalamento ($k = 1, 2$ e 3) $\therefore E(t_k) = t_k$ e
 $E(t_k^2) = t_k^2$ e $\sum_k t_k^2 = 0$;

$c_{(k)i}$: efeito aleatório do clone i dentro de sistema de acasalamento
 k : $c_{(k)i} \sim NID(0, \sigma_{c(k)i}^2)$; e

ε : erro efetivo.

Quadro 2 – Esquema da análise de variância utilizando o erro efetivo com as respectivas esperanças dos quadrados médios e o teste F

FV	GL	QM	E(QM)	F
Clones	$c - 1$	Q_1	$\sigma_e^2 + \sigma_c^2$	Q_1/Q_4
Sistemas de acasalamento	$t - 1$	Q_2	$\sigma_e^2 + \sigma_{c/t}^2 + k_1\phi_t$	Q_2/Q_3
Clones/sistemas	$c - t$	Q_3	$\sigma_e^2 + \sigma_{c/t}^2$	Q_3/Q_4
Clones/biparental	$c_b - 1$	Q_{3b}	$\sigma_e^2 + \sigma_b^2$	Q_{3b}/Q_4
Clones/policruzamento	$c_{pl} - 1$	Q_{3pl}	$\sigma_e^2 + \sigma_{pl}^2$	Q_{3pl}/Q_4
Clones/autofecundação	$c_a - 1$	Q_{3a}	$\sigma_e^2 + \sigma_a^2$	Q_{3a}/Q_4
Erro efetivo	$(b - 1) (m - 1)$	Q_4	σ_e^2	

$$\phi_t = \frac{\sum_k t_k^2}{t-1} \quad k_1 = \frac{1}{t-1} \left(c - \frac{\sum_k c_{i(k)}^2}{c} \right)$$

onde:

b: número de blocos, sendo $b = 1, 2, \dots, 20$;

m: número de tratamentos comuns, sendo $p = 1, 2$;

c: número total de clones, sendo $c = c_b + c_{pl} + c_a = 294$;

t: número total de sistemas de acasalamento, sendo $t = 1, 2$ e 3 ;

c_b : número de clones gerados no acasalamento biparental, sendo $c_b = 1, 2, \dots, 97$;

c_{pl} : número de clones gerados no policruzamento, sendo $c_{pl} = 1, 2, \dots, 91$;

c_a : número de clones gerados na autofecundação, sendo $c_a = 1, 2, \dots, 106$;

σ_c^2 : variância genética entre clones;

$\sigma_{c/t}^2$: variância genética entre clones dentro dos sistemas de acasalamento;

σ_b^2 : variância genética entre clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento biparental;

σ_{pl}^2 : variância genética entre clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento policruzamento;

σ_a^2 : variância genética entre clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento autofecundação;

ϕ : componente quadrático que expressa a variabilidade entre os sistemas de acasalamento; e

σ_e^2 : variância ambiental.

As médias ajustadas dos tratamentos regulares também foram utilizadas para compor uma outra análise de variância, conforme o Modelo (3) e o Quadro 3.

$$Y_{ij} = m + c_i + f_j + c_{(ij)} + \varepsilon \quad \text{Modelo (3)}$$

onde:

Y_{ij} : média ajustada da parcela experimental do clone i da família j ;

m : efeito fixo da média geral $\therefore E(m) = m$ e $E(m^2) = m^2$;

c_i : efeito aleatório do clone i ($i = 1, 2, \dots, 294$); $\therefore c_i \sim NID(0, \sigma_{ci}^2)$;

f_j : efeito aleatório da família j ($j = 1, 2, \dots, 15$) $\therefore f_j \sim NID(0, \sigma_{f_j}^2)$;

$c_{(j)i}$: efeito aleatório do clone i dentro das famílias j $\therefore c_{(j)i} \sim NID(0, \sigma_{c_{(j)i}}^2)$; e

ε : erro efetivo.

Quadro 3 – Esquema da análise de variância utilizando o erro efetivo com as respectivas esperanças dos quadrados médios e o teste F

FV	GL	QM	E(QM)	F
Clones	$c - 1$	Q_1	$\sigma_e^2 + \sigma_c^2$	Q_1/Q_4
Famílias	$f - 1$	Q_5	$\sigma_e^2 + \sigma_{c/f}^2 + k_2\sigma_f^2$	Q_5/Q_6
Clones/família	$c - f$	Q_6	$\sigma_e^2 + \sigma_{c/f}^2$	Q_6/Q_4
Erro efetivo	$(b - 1)(m - 1)$	Q_4	σ_e^2	

$$k_2 = \frac{1}{f - 1} \left(c - \frac{\sum_j c_{i(j)}^2}{c} \right)$$

onde:

b : número de blocos, sendo $b = 1, 2, \dots, 20$;

m : número de tratamentos comuns, sendo $p = 1, 2$;

c : número total de clones, sendo $c = 1, 2, \dots, 294$;

f : número total de famílias, sendo $f = 1, 2, \dots, 15$;

σ_c^2 : variância genética entre clones;

$\sigma_{c/f}^2$: variância genética entre clones dentro das famílias;

σ_f^2 : variância genética entre famílias; e

σ_e^2 : variância ambiental.

O erro efetivo (QME_e ou Q_4) foi estimado conforme a Equação (2), desenvolvida por Ferreira, citado por Barbosa (1996); Ferreira (1998) e Lambert (2001). Este é considerado um testador mais adequado para a comparação de tratamentos regulares de blocos diferentes, bem como para estimativas de parâmetros genéticos.

$$QME_e = \left[1 + \frac{1}{r + tc - 1} + \frac{r}{tc(r + tc - 1)} + \frac{(r - 2n) \sum_{k=1}^b n_k^2}{tcn^2(r + tc - 1)} + \frac{b \sum_{k=1}^b n_k^2}{n^2(r + tc - 1)} \right] \times QME_t \quad (2)$$

onde:

QME_e ou Q_4 : quadrado médio do erro efetivo;

QME_t : quadrado médio do erro da análise intrabloco;

r : número total de tratamentos regulares;

tc : número total de tratamentos comuns;

n : número total de parcelas;

b : número de blocos do experimento; e

n_k : número de parcelas em cada bloco ($k=1, \dots, b$).

2.4.2 Teste de médias

O teste de Tukey foi utilizado para comparar as médias entre os sistemas de acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação. Neste trabalho, as famílias de cada sistema de acasalamento, foram representadas por diferentes números de clones. Desta maneira, para a comparação entre as médias obtidas para as características das famílias utilizou-se o teste de Tukey com número diferente de repetições, neste caso, o número de parcelas que deu origem à média.

2.4.3 Estimativas dos parâmetros genéticos

A partir das esperanças dos quadrados médios (Quadro 2 e Quadro 3) foram obtidas as seguintes estimativas:

- Variância genética entre clones: $\hat{\sigma}_c^2 = (Q_1 - Q_4)$ (3)

- Variância genética entre famílias: $\hat{\sigma}_f^2 = \frac{(Q_5 - Q_6)}{k_2}$ (4)

- Variância genética entre clones dentro das famílias (f):

$$\hat{\sigma}_{c/f}^2 = (Q_6 - Q_4) \quad (5)$$

- Variância genética entre clones dentro de sistemas de acasalamento:

$$\hat{\sigma}_{c/t}^2 = (Q_3 - Q_4). \quad (6)$$

- Variância genética entre clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento biparental: $\hat{\sigma}_b^2 = (Q_{3b} - Q_4)$ (7)

- Variância genética entre clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento policruzamento: $\hat{\sigma}_{pl}^2 = (Q_{3pl} - Q_4)$ (8)

- Variância genética entre clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento autofecundação: $\hat{\sigma}_a^2 = (Q_{3a} - Q_4)$ (9)

2.5 Estimativa da herdabilidade no sentido amplo (h^2_a)

A herdabilidade, no sentido amplo, de clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento biparental foi estimada por meio da equação.

$$h_{ab}^2 = \frac{\hat{\sigma}_b^2}{\hat{\sigma}_{pb}^2} = \frac{(Q_{3b} - Q_4)}{Q_{3b}} \quad (10)$$

A herdabilidade, no sentido amplo, de clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento policruzamento foi estimada por meio da equação.

$$h_{apl}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{pl}^2}{\hat{\sigma}_{ppl}^2} = \frac{(Q_{3pl} - Q_4)}{Q_{3pl}} \quad (11)$$

A herdabilidade, no sentido amplo, de clones dentro das famílias para o sistema de acasalamento autofecundação foi estimada por meio da equação.

$$h_{aa}^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{pa}^2} = \frac{(Q_{3a} - Q_4)}{Q_{3a}} \quad (12)$$

A herdabilidade, no sentido amplo, de clones dentro das famílias (f) foi estimada por meio da equação.

$$h_{ac/f}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{c/f}^2}{\hat{\sigma}_{pc/f}^2} = \frac{(Q_6 - Q_4)}{Q_6} \quad (13)$$

A herdabilidade, no sentido amplo, entre as famílias (f) foi estimada por meio da equação.

$$h_f^2 \hat{=} \frac{\hat{\sigma}_f^2}{\sigma_{pf}^2} = \frac{(Q_5 - Q_6)}{Q_5} \quad (14)$$

A herdabilidade, no sentido amplo, de clone foi estimada por meio da equação.

$$h_c^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_{pc}^2} = \frac{(Q_1 - Q_4)}{Q_1} \quad (15)$$

Para as estimativas das herdabilidades, foram obtidos os intervalos de confiança, conforme as expressões apresentadas por Knap, Stoup e Ross (1985).

$$LI = 1 - \left[\left(\frac{Q_{3_}}{Q_4} \right) F_{(1-\alpha/2)} \right]^{-1} \quad (16)$$

$$LS = 1 - \left[\left(\frac{Q_{3_}}{Q_4} \right) F_{(\alpha/2)} \right]^{-1} \quad (17)$$

onde:

LS: limite superior de confiança;

LI: limite inferior de confiança;

F: valor tabelado da distribuição F de Snedecor a partir dos graus de liberdade gl_1 (tratamentos) e gl_2 (resíduo) e de α (nível de significância de 0,05);

$Q_{3_}$: quadrado médio de clones dentro dos sistemas de acasalamentos biparental, policruzamento e autofecundação; e

Q_4 : quadrado médio do erro efetivo.

2.6 Coeficiente de variação genético e ambiental

Foram obtidos os coeficientes de variação genético e ambiental para as características, a partir das expressões:

$$CV_G(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_G^2}}{m} \times 100 \quad \text{e} \quad CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m} \times 100 \quad (18)$$

onde:

$CV_G(\%)$: é o coeficiente de variação genético em porcentagem;

$CV_e(\%)$: é o coeficiente de variação ambiental em porcentagem;

m : é a média geral do ensaio para a característica considerada;

$\hat{\sigma}_G^2$: é a variância genética para sistemas de acasalamento e para famílias; e

$\hat{\sigma}_e^2$: é a variância residual, obtida pela Equação (2).

2.7 Coeficiente de correlação genética

Foram realizadas as estimativas de correlações simples entre algumas características com o auxílio do programa computacional em genética e estatística, Genes (Cruz, 1997). O estimador do coeficiente de correlação genética entre duas características X e Y foi dado pela seguinte expressão:

$$r_G = \frac{C\hat{o}v(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Gx}^2 \times \hat{\sigma}_{Gy}^2}} \quad (19)$$

onde:

$C\hat{o}v(X, Y)$: covariância genética entre o caráter X com o caracter Y;

$\hat{\sigma}_{Gx}^2$: variância genética do caráter X; e

$\hat{\sigma}_{Gy}^2$: variância genética do caráter Y.

Os coeficientes de correlação foram testados pela estatística t, para verificação da hipótese de nulidade ($H_0: \rho=0$), a partir da expressão (Vencovsky e BARRIGA, 1992).

$$t = \frac{r_G}{\sqrt{\hat{v}ar(r_G)}} \quad (20)$$

Em que t está associado a n-2 graus de liberdade, sendo n o número de tratamentos genéticos avaliados. Obtém-se a variância, ($\hat{V}ar(r_G)$) sob hipótese da nulidade, por meio da expressão:

$$\hat{V}ar(r_G) = \frac{1}{g_1 b^2 t_1 t_2} [1 + (b-1)t_1] [1 + (b-2)t_2 + r_f^2] + \frac{1}{g_2 b^2 t_1 t_2} [(1-t_1)(1-t_2) + r_f^2] \quad (21)$$

Nesta expressão tem-se:

g_1, g_2 : número de graus de liberdade relativos a tratamentos e resíduos, respectivamente;

b: número de repetições do ensaio;

$$t_1 = \frac{\hat{\sigma}_{Gx}^2}{\hat{\sigma}_{Gx}^2 + \hat{\sigma}_{ex}^2}; \quad t_2 = \frac{\hat{\sigma}_{Gy}^2}{\hat{\sigma}_{Gy}^2 + \hat{\sigma}_{ey}^2}; \quad (22)$$

e

$$r_f = \frac{C\hat{v}_{Gxy} + C\hat{v}_{exy}}{\sqrt{\left(\hat{\sigma}_{Gx}^2 + \hat{\sigma}_{ex}^2\right)\left(\hat{\sigma}_{Gy}^2 + \hat{\sigma}_{ey}^2\right)}} \quad (23)$$

Os efeitos diretos e indiretos entre os caracteres foram estimados através da análise de trilha. Ela permite decompor os coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos, mostrando a real correlação dos caracteres com a variável básica, previamente estabelecida (Cruz e Regazzi, 1997).

2.8 Seleção de clones

2.8.1 Estimativas do ganho com a seleção (GS)

As estimativas do progresso esperado com a seleção entre os clones, para cada característica, foram obtidas por meio da Equação (24), conforme apresentada por Ramalho et al. (1990).

$$GS = h_a^2 \times ds \quad (24)$$

onde:

GS: ganho com a seleção

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo;

ds: diferencial de seleção, em que $ds = ms - mo$;

ms: média dos clones selecionados; e

mo: média da população alvo da seleção.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise de variância para os sistemas de acasalamento

Os resultados das análises de variância, e a média geral e o coeficiente de variação relativo aos oito caracteres: Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), toneladas de Brix por hectare (TBH) e toneladas de colmos por hectare (TCH), são apresentados no Quadro 4.

Os coeficientes de variação encontrados para os oito caracteres analisados apresentaram valores de diferentes magnitudes. Para TCH e TBH já eram esperados coeficientes relativamente altos, pois são características mais sensíveis à variação ambiental e, portanto, mais sujeitas a erros experimentais. No entanto, esperava-se coeficiente de variação para estes caracteres variando de baixo a alto, segundo critério de Gomes (1990). Comparando resultados da literatura, de experimento com “seedlings”, Veiga (1992) obteve coeficiente de variação de 21,39 a 29,28% e de 23,97 a 29,47% para TCH e tonelada de pol por hectare respectivamente. Jackson et al. (1995a,b) obtiveram coeficientes de variação da ordem de 12,9 a 22,9% para TCH. Como se observa no Quadro 4, os coeficientes de variação ficaram na ordem de 46,03% e 49,67% para TCH e TBH, respectivamente. Isso ocorreu porque, em 2000 e no primeiro semestre de 2001, ocorreram poucas chuvas, comprometendo o desenvolvimento vegetativo de todos os tratamentos, em

especial dos tratamentos comuns. Como conseqüência, a produtividade foi menor, tendo promovido um coeficiente de variação mais elevado. Outro motivo foi a grande amplitude entre os valores máximos e mínimos nas parcelas dos tratamentos comuns (Quadro 5 e 6).

O teste F foi significativo para clone e sistemas de acasalamento em quase todos os caracteres estudados, com exceção de TBH no caso de clone e para número de colmos no caso de sistemas de acasalamento, indicando variabilidade genética entre os clones e também entre os sistemas de acasalamentos estudados.

Quadro 4 – Resumo da análise de variância de Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

FV	GL	Quadrado Médio							
		BRIX	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
Clone	293	1,69**	0,08**	13,15**	74,03**	0,33**	154,98**	133,79 ^{ns}	2756,80**
Sistemas de acasalamento	2	7,60*	0,42**	318,47*	127,75 ^{ns}	8,74**	2330,32**	2866,86**	59842,88**
Clone/Sistemas	291	1,65**	0,08 ^{ns}	11,06**	73,66 ^{ns}	0,27*	140,03 ^{ns}	115,01 ^{ns}	2364,45 ^{ns}
Clone/biparental	96	1,31**	0,10*	13,01**	75,28 ^{ns}	0,34*	146,68 ^{ns}	124,69 ^{ns}	2563,24 ^{ns}
Clone/policruzamento	90	1,73**	0,05 ^{ns}	8,45*	80,82 ^{ns}	0,25 ^{ns}	118,64 ^{ns}	96,57 ^{ns}	2077,89 ^{ns}
Clone/autofecundação	105	1,90**	0,09*	11,50**	66,03 ^{ns}	0,24 ^{ns}	152,28 ^{ns}	121,94 ^{ns}	2428,33 ^{ns}
Erro efetivo	19	0,49	0,04	3,34	46,12	0,14	106,45	106,32	1971,60
Média trat. comum		21,15	1,99	26,66	21,06	1,25	24,03	20,76	96,47
CV% trat. comum		3,31	10,05	6,86	32,25	29,93	42,94	49,67	46,03

*, ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Quadro 5 – Médias dos caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH) para o tratamento comum, variedade RB855536

RB855536		Caracteres							
Parcela	Bloco	Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
18	1	23,00	2,35	27,80	24	1,56	34,23	31,21	135,71
21	2	21,60	1,50	28,60	14	1,00	13,47	10,80	50,00
24	3	21,73	1,66	30,80	16	1,28	19,79	16,30	75,00
27	4	23,53	2,15	30,20	32	2,32	49,33	47,91	203,57
30	5	23,27	2,10	23,80	24	1,36	22,40	28,92	124,29
94	10	22,33	2,37	28,00	18	1,94	26,25	25,68	115,00
114	6	23,20	2,12	29,40	16	1,48	23,07	19,89	85,71
117	7	23,00	2,17	27,60	24	1,38	31,19	31,71	137,86
120	8	22,07	1,98	27,40	23	1,22	26,85	23,80	107,86
123	9	22,33	2,09	29,20	23	1,48	32,16	29,67	132,86
158	11	22,13	2,19	31,80	13	1,52	22,63	16,76	75,71
210	12	22,80	2,00	28,40	16	1,20	20,25	17,26	75,71
213	13	22,47	2,23	27,80	24	1,75	32,43	35,71	158,93
216	14	22,00	2,20	26,50	35	1,80	42,47	42,82	194,64
219	15	21,87	2,09	26,90	11	1,10	13,09	10,31	47,14
222	16	23,00	2,16	27,80	37	1,40	48,51	44,36	192,86
286	20	22,67	2,04	32,00	10	1,55	16,37	12,55	55,36
298	19	22,60	1,83	29,70	18	1,48	22,87	25,42	112,50
306	17	23,13	2,04	28,80	29	1,82	38,58	37,34	161,43
310	18	21,80	2,00	29,90	14	1,72	19,70	17,13	78,57
Média		22,53	2,06	28,62	21,05	1,52	27,78	26,28	116,04
Desvio padrão		0,58	0,21	1,90	7,80	0,31	10,67	11,33	48,66
Amplitude	Máx.	23,53	2,37	32,00	37	2,32	49,33	47,91	203,57
	Mín.	21,60	1,50	23,80	10	1,00	13,09	10,31	47,14

Quadro 6 – Médias dos caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH) para o tratamento comum, variedade SP80-1816

SP80-1816		Caracteres							
Parcela	Bloco	Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
63	5	23,33	2,39	28,20	17	1,30	25,38	16,67	71,43
66	1	21,27	2,23	28,20	10	1,60	13,90	12,15	57,14
69	2	23,20	1,98	25,60	12	1,50	12,21	14,09	60,71
72	3	22,80	2,18	31,00	19	1,94	31,26	29,31	128,57
75	4	22,53	2,40	29,80	20	1,68	33,51	29,78	132,14
127	10	21,93	2,55	27,40	14	1,42	21,03	21,78	99,29
162	6	23,67	1,59	26,10	7	1,00	5,97	5,92	25,00
165	7	23,13	2,13	29,50	12	1,62	17,47	15,53	67,14
168	8	23,27	2,15	29,00	16	1,54	22,76	20,44	87,86
171	9	23,33	2,18	29,70	12	1,50	18,09	16,92	72,50
191	11	22,53	2,30	34,00	20	1,70	41,84	28,81	127,86
255	16	23,40	2,16	29,10	17	1,82	24,47	23,48	100,36
258	12	22,27	2,25	28,70	12	1,82	17,48	15,90	71,43
261	13	22,53	2,16	29,40	12	1,57	17,56	15,61	69,29
264	14	21,80	2,13	27,90	14	1,22	18,27	14,01	64,29
267	15	23,40	2,15	27,90	15	1,85	19,70	21,39	91,43
319	20	22,87	2,52	27,20	17	2,01	24,89	19,03	83,21
330	19	22,87	2,35	30,70	12	2,00	20,87	20,01	87,50
333	17	22,87	2,22	30,00	18	2,06	28,22	27,68	121,07
337	18	22,00	2,10	28,00	10	1,32	12,92	10,37	47,14
Média		22,75	2,21	28,87	14,30	1,62	21,39	18,94	83,27
Desvio padrão		0,64	0,20	1,84	3,61	0,29	8,17	6,55	28,67
Amplitude	Máx.	23,67	2,55	34,00	20	2,06	41,84	29,78	132,14
	Mín.	21,27	1,59	25,60	7	1,00	5,97	5,92	25,00

3.2 Teste de média para sistemas de acasalamento

No Quadro 7, evidencia-se que as médias dos acasalamentos biparentais não diferiram estatisticamente das de policruzamento, e que as médias destes dois tipos de acasalamentos diferem estatisticamente da média das famílias obtidas por autofecundação, com exceção para os caracteres número de colmos e Brix.

Observa-se que as médias das famílias obtidas por autofecundação demonstraram redução de todos os caracteres, devido ao pouco vigor apresentado pela maioria das progênies.

Comparando-se as médias dos clones das famílias obtidas pelo acasalamento biparental e policruzamento com relação aos clones das famílias obtidas por autofecundação constatou-se que este último teve redução no comprimento médio de colmos (10%), no diâmetro médio de colmos (10%), no peso médio de colmos (35%), no peso estimado de colmos (29%), na TBH (39%) e na TCH (37%).

Quadro 7 - Teste das médias para os sistemas de acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação para os caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

Caracteres	Sistemas de acasalamento		
	Biparental	Policruzamento	Autofecundação
BRIX	21,48 a	21,09 ab	20,90 b
CC	2,05 a	2,08 a	1,86 b
DC	27,33 a	28,12 a	24,81 b
NC	20,76 a	22,39 a	20,20 a
PMC	1,39 a	1,48 a	0,92 b
PE	25,40 a	28,44 a	18,98 b
TBH	23,74 a	24,65 a	14,68 b
TCH	106,13 a	116,78 a	70,19 b

Médias seguidas pela mesma letra, na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey, a 5% probabilidade

A depressão endogâmica é função do grau da endogamia (F), das frequências alélicas na população (p e q) e do desvio do heterozigoto em relação ao ponto médio entre os homozigotos (d). A alteração média resultante da endogamia é $-2pqdF$. Isso mostra que um loco contribuirá para a redução do valor médio sob endogamia somente quando o valor de “d” for diferente de

zero. Esta conclusão embora seja válida para dois alelos em um loco, é igualmente válida para locos com mais de dois alelos (Falconer, 1987).

3.3 Análise de variância entre e dentro de famílias

No quadro 8, são apresentados os resultados das análises de variância, a média geral e o coeficiente de variação relativo aos oito caracteres: Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), toneladas de Brix por hectare (TBH) e toneladas de colmos por hectare (TCH).

O teste F foi significativo para clone e famílias em quase todos os caracteres estudados ($p < 0,01$), com exceção de TBH, no caso de clone, e do número de colmos, no caso das famílias, indicando variabilidade genética entre os clones e também entre as famílias estudadas.

Quadro 8 – Resumo das análises de variância de Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH) para as famílias

FV	GL	Caracteres							
		Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
Clone	293	1,69**	0,08**	13,15**	74,03**	0,33**	154,98 ^{ns}	133,79 ^{ns}	2756,80**
Família	14	5,55**	0,21**	68,67**	102,67 ^{ns}	1,63**	589,63**	726,59**	14770,93**
Clone/Família	279	1,50**	0,08*	10,37**	72,59 ^{ns}	0,27*	133,17 ^{ns}	104,04 ^{ns}	2153,94 ^{ns}
Erro efetivo	19	0,49	0,04	3,34	46,12	0,14	106,45	106,32	1971,60
Média trat comum		21,15	1,99	26,66	21,06	1,25	24,03	20,76	96,47
CV% trat comum		3,31	10,05	6,86	32,25	29,93	42,94	49,67	46,03

*, ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

3.4 Teste de média entre as famílias

No Quadro 9, pode-se observar o teste de média entre as famílias do acasalamento biparental, do policruzamento e da autofecundação para as oito características estudadas.

Quadro 9 – Teste de média entre as famílias para os caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

Família	Variáveis							
	Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
RB751194 x SP70-1143	22,07 a	1,87 ab	26,28 abcd	22,26 a	1,20 abc	23,03 abcd	21,73 abc	99,40 ab
NA56-79 x RB91524	21,29 abc	2,07 a	25,58 bcd	19,14 a	1,26 ab	20,75 abcd	22,95 abcd	87,00 abc
RB72454 x RB83102	21,71 ab	2,15 a	28,54 ab	22,06 a	1,57 a	30,50 a	28,14 a	130,26 a
RB8382 x SP79-2312	20,61 bc	2,16 a	28,94 ab	16,80 a	1,47 a	24,11 abcd	18,81 abcd	89,50 abc
RB72454 x RB855036	21,59 ab	2,02 a	27,55 abc	22,94 a	1,48 a	28,44 abc	26,33 a	121,99 a
CB45-3 x ?	20,54 bc	2,10 a	26,93 abcd	25,24 a	1,42 ab	29,60 ab	26,25 a	129,29 a
RB83102 x ?	21,48 ab	2,08 a	28,08 abc	23,19 a	1,57 ab	29,62 ab	25,62 a	119,52 a
NA56-79 x ?	20,68 bc	2,15 a	28,67 ab	21,16 a	1,57 a	27,95 abc	22,62 ab	107,87 ab
RB855113 x ?	21,60 ab	1,94 ab	29,35 a	19,19 a	1,51 a	26,09 abc	23,10 ab	106,39 ab
SP70-1143 x ?	21,23 abc	2,17 a	27,12 abcd	23,85 a	1,44 ab	29,37 abc	26,51 a	124,10 a
RB72454 ⊗	21,14 abc	1,92 ab	25,87 bcd	21,79 a	1,16 abc	23,38 abcd	19,49 abc	91,24 abc
SP88-754 ⊗	21,08 abc	1,88 ab	24,80 cd	20,05 a	0,90 bc	19,14 bcd	14,40 bcd	68,03 bc
SP84-2029 ⊗	20,85 abc	1,91 ab	23,53 d	19,06 a	0,65 c	15,80 cd	10,16 cd	50,36 c
SP88-819 ⊗	19,94 c	1,63 b	23,67 d	17,88 a	0,66 c	11,63 d	7,65 d	41,20 c
SP81-1763 ⊗	21,40 ab	1,93 ab	26,35 abcd	22,83 a	1,33 ab	25,77 abcd	23,43 ab	108,83 ab

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem entre si pelo teste Tukey a 5% probabilidade

De maneira geral, as médias das famílias geradas pelos acasalamento biparental e policruzamento não diferiram entre si para todos os caracteres, com exceção do Brix, em que as famílias RB8382 x SP79-2312, CB45-3 x ? e NA56-79 x ? diferiram da família RB751194 x SP70-1143, e do diâmetro médio de colmos, em que a família NA56-79 x RB91524 apresentou média significativamente diferente daquela da família RB855113 x ?.

As famílias geradas pela autofecundação da SP88-754, SP84-2029 e SP88-819 apresentaram as menores médias em comparação as demais famílias para os caracteres diâmetro médio de colmos, peso médio de colmos, produção estimada de colmos, TBH e TCH. Possivelmente, o pior desempenho de algumas populações autofecundadas, SP88-754, SP84-2029 e SP88-819, seria a ocorrência de baixa frequência de alelos favoráveis para estes caracteres. De fato, Bastos (2001) verificou que os genitores SP88-754, SP88-819 e SP84-2029 apresentaram estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação relativamente baixos para os caracteres TCH e TBH.

Assumindo que não tenha ocorrido fecundação por pólen proveniente de outros genótipos, a autofecundação da RB72454 e da SP81-1763 não promoveu elevada depressão endogâmica, provavelmente devido à maior frequência de alelos favoráveis destes genitores. Deve-se relatar também que nas duas famílias em que a RB72454 participou como genitor, as médias foram elevadas para todos os caracteres, mesmo quando cruzou a RB72454 com sua

filha RB855036, ou seja tendo gerado certo nível de endogamia. A RB72454 constitui-se em um dos mais importantes genitores empregados pelos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar do Brasil, tendo originado algumas das variedades mais plantadas no País (Copersucar, 2001). Esses resultados sugerem que a frequência de alelos favoráveis é tão importante quanto a heterose para decidir sobre os acasalamentos a serem realizados.

3.5 Estimativas de parâmetros genéticos

3.5.1 Estimativas de parâmetros genéticos para os sistemas de acasalamento

As estimativas das variâncias genéticas para os três sistemas de acasalamentos estão apresentadas no Quadro 10.

Quadro 10 – Estimativas da variância genética e herdabilidade para os caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), toneladas de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

Estimativas	Caracteres							
	BRIX	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
$\hat{\sigma}_b^2$	0,82	0,05	9,66	29,16	0,19	40,23	18,36	591,64
$\hat{\sigma}_{pl}^2$	1,23	0,06	5,10	34,70	0,10	12,19	-	106,28
$\hat{\sigma}_a^2$	1,40	0,04	8,15	19,91	0,09	45,82	15,61	456,73
h_{ab}^2	0,61	0,54	0,74	0,39	0,58	0,27	0,14	0,23
h_{apl}^2	0,71	0,12	0,60	0,43	0,42	0,10	-	0,05
h_{aa}^2	0,74	0,51	0,71	0,30	0,40	0,30	0,13	0,19
*IC _b	0,30 a 0,83	0,25 a 0,82	0,52 a 0,88	-0,15 a 0,72	0,23 a 0,81	-0,36 a 0,67	-0,60 a 0,62	-0,44 a 0,65
*IC _{pl}	0,47 a 0,87	-0,51 a 0,64	0,26 a 0,82	-0,08 a 0,74	-0,06 a 0,75	-0,69 a 0,60	-1,07 a 0,51	-0,79 a 0,57
*IC _a	0,52 a 0,88	0,17 a 0,88	0,46 a 0,87	-0,30 a 0,68	-0,09 a 0,74	-0,30 a 0,68	-0,62 a 0,61	-0,51 a 0,63

b, pl e a: sistema de acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação respectivamente

h^2_a : herdabilidade no sentido amplo

*IC Intervalo de confiança para herdabilidade ($\alpha=0,05$), segundo metodologia apresentada por Knapp et al. (1985).

As variâncias genéticas para os sistemas de acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação, de modo geral, foram de mesma magnitude, com exceção para os caracteres produção estimada de colmos e TCH, em que as famílias de policruzamento apresentaram variâncias discrepantes em comparação às famílias de acasalamento biparental e autofecundação.

Este mesmo enfoque pode ser atribuído para as estimativas da herdabilidade. Considerando os valores de herdabilidade no sentido amplo e o intervalo de confiança encontrados neste estudo (Quadro 10), pode-se inferir que a herdabilidade dos caracteres para as famílias obtidas por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação possuem grandezas semelhantes.

Ressalta-se o fato de que alguns caracteres apresentaram intervalo de confiança para herdabilidade com limite inferior negativo, a 5% de probabilidade, indicando que, quando se utilizam parcelas de tamanhos reduzidos, há chance de se estimar herdabilidade nula.

3.5.2 Estimativas de parâmetros genéticos para famílias

As estimativas das variâncias genéticas para as famílias estão apresentadas no Quadro 11.

As maiores variâncias genéticas para Brix foram apresentadas pela família de acasalamento biparental RB8382 x SP79-2312 (f_4), pelas famílias de policruzamento RB83102 x ? (f_7) e RB855113 x ? (f_9), e pelas famílias de autofecundação SP88-819 (f_{14}) e SP81-1763 (f_{15}).

O caráter comprimento médio de colmo apresentou maior variabilidade para as famílias de acasalamento biparental, RB8382 x SP79-2312 (f_4) e RB72454 x RB83102 (f_3), e para a família de autofecundação, SP88-819 (f_{14}).

As famílias RB751194 x SP70-1143 (f_1) e RB72454 x RB855036 (f_5) apresentaram variabilidade genética elevada para os caracteres diâmetro médio de colmos (DC), número de colmo (NC) e produção estimada de colmos (PE), e os maiores valores de variância genética para TBH e TCH.

A herdabilidade das famílias estão apresentadas no Quadro 11. De modo geral, os caracteres que apresentaram os maiores valores de herdabilidade foram Brix e diâmetro médio de colmo.

Quadro 11 – Estimativas de variância genética ($\hat{\sigma}_f^2$) e herdabilidade, no sentido amplo (h_f^2), para todos os caracteres, Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), toneladas de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

Estimativas	Sistemas ^{1/}	Caracteres							
		Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
$\hat{\sigma}_{f1}^2$	B	0,29	0,001	8,66	40,20	0,07	69,90	51,13	1164,54
$\hat{\sigma}_{f2}^2$	B	0,33	0,001	13,94	58,36	0,12	59,86	22,29	736,552
$\hat{\sigma}_{f3}^2$	B	0,54	0,120	4,03	-	0,32	-	-	-
$\hat{\sigma}_{f4}^2$	B	1,35	0,135	3,08	1,48	0,24	5,52	-	-
$\hat{\sigma}_{f5}^2$	B	0,90	0,001	11,53	34,76	0,21	41,69	41,97	1112,65
$\hat{\sigma}_{f6}^2$	PI	0,48	0,001	3,70	7,16	0,11	8,09	-	-
$\hat{\sigma}_{f7}^2$	PI	1,55	-	3,76	47,04	0,11	29,76	12,44	679,71
$\hat{\sigma}_{f8}^2$	PI	0,90	0,046	9,18	37,30	0,11	20,30	-	-
$\hat{\sigma}_{f9}^2$	PI	1,95	0,001	4,36	14,28	0,11	4,11	4,75	208,02
$\hat{\sigma}_{f10}^2$	PI	0,17	0,042	0,21	85,56	0,12	14,79	-	190,61
$\hat{\sigma}_{f11}^2$	A	1,17	0,057	6,03	19,30	-	59,79	17,30	662,84
$\hat{\sigma}_{f12}^2$	A	1,07	0,001	8,18	25,29	0,11	33,58	-	92,52
$\hat{\sigma}_{f13}^2$	A	0,83	0,014	7,18	-	0,08	-	-	-
$\hat{\sigma}_{f14}^2$	A	1,79	0,164	7,54	44,16	0,06	80,98	19,92	531,55
$\hat{\sigma}_{f15}^2$	A	1,60	0,028	10,17	18,68	0,16	-	-	-
h_{f1}^2	B	0,37	0,04	0,72	0,47	0,34	0,40	0,32	0,37
h_{f2}^2	B	0,40	0,04	0,81	0,56	0,47	0,36	0,17	0,27
h_{f3}^2	B	0,52	0,71	0,55	-	0,69	-	-	-
h_{f4}^2	B	0,73	0,74	0,48	0,03	0,63	0,05	-	-
h_{f5}^2	B	0,65	0,04	0,78	0,43	0,60	0,28	0,28	0,36
h_{f6}^2	PI	0,49	0,04	0,53	0,13	0,44	0,07	-	-
h_{f7}^2	PI	0,76	-	0,53	0,50	0,44	0,22	0,10	0,26
h_{f8}^2	PI	0,65	0,49	0,73	0,45	0,44	0,16	-	-
h_{f9}^2	PI	0,80	0,04	0,57	0,24	0,44	0,04	0,04	0,10
h_{f10}^2	PI	0,27	0,47	0,06	0,65	0,47	0,12	-	0,09
h_{f11}^2	A	0,70	0,54	0,64	0,30	-	0,36	0,14	0,25
h_{f12}^2	A	0,68	0,04	0,71	0,35	0,44	0,24	-	0,04
h_{f13}^2	A	0,63	0,23	0,68	-	0,36	-	-	-
h_{f14}^2	A	0,78	0,77	0,69	0,49	0,31	0,43	0,16	0,21
h_{f15}^2	A	0,76	0,37	0,75	0,29	0,53	-	-	-

1/ B: Biparental; PI: Policruzamento e A: Autofecundação.

O comprimento médio de colmo apresentou valores de herdabilidade baixo, com exceção para as famílias de acasalamento biparental, RB72454 x RB83102 (f_3) e RB8382 x SP79-2312 (f_4), e para a família de autofecundação SP88-819 (f_{14}).

Os caracteres TBH e TCH apresentaram herdabilidades baixas, corroborando com os resultados apresentados por Skinner et al. (1987).

3.5.3 Decomposição da variância genética entre e dentro de famílias

As estimativas dos componentes de variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_f^2$) e dentro de famílias ($\hat{\sigma}_{gw}^2$) e variância genética total ($\hat{\sigma}_G^2$) estão apresentadas no Quadro 12. Observa-se que a variância genética entre famílias foi de menor magnitude do que a variância genética dentro de famílias para quase todos os caracteres, com exceção de TCH e TBH, que apresentou variância negativa dentro de família.

A análise da decomposição da variância genética total em percentagem mostra o predomínio do componente genético dentro de famílias sobre o componente entre famílias para os caracteres Brix (83%), comprimento médio de colmos (84%), diâmetro médio de colmos (70%), número de colmos (94%) e peso médio de colmos (65%). Para a produção estimada de colmos, quase não houve diferença entre a variância genética entre famílias e variância genética dentro de famílias. No caráter TBH, não foi possível realizar a decomposição da variância genética total em percentagem, uma vez que a variância genética dentro de famílias foi negativa. Para o caráter TCH, houve predominância da variância genética entre famílias, representando 78% da variância genética total.

A mesma tendência foi relatada por Bressiani (2001) que avaliando populações mistas, observou que a grande proporção da variação genética total é devida a variância dentro das famílias.

Comparando as proporções das variâncias genéticas entre e dentro das famílias, observou-se que os resultados apresentaram, em geral, uma proporção menor de variação genética entre famílias em relação à variância

genética total, com exceção para TCH e TBH, em que não foi possível fazer inferências.

Quadro 12 - Estimativas dos componentes de variâncias genéticas entre famílias ($\hat{\sigma}_f^2$) e dentro de famílias ($\hat{\sigma}_{gw}^2$) e proporção da variância genética total ($\hat{\sigma}_G^2$) nos componentes entre e dentro de famílias, para os caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

Estimativas	Caracteres							
	Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
$\hat{\sigma}_f^2$	0,2054	0,0066	2,9944	1,5450	0,0698	23,4439	31,974	648,0221
$\hat{\sigma}_{gw}^2$	1,0092	0,0342	7,0251	26,4714	0,1283	26,7196	-	182,3407
$\hat{\sigma}_G^2$	1,2146	0,0408	10,0195	28,0164	0,1981	50,1635	-	830,3628
Proporção da variância genética total (%)								
$\hat{\sigma}_f^2$	17	16	30	6	35	47	-	78
$\hat{\sigma}_{gw}^2$	83	84	70	94	65	53	-	22

Um argumento para esclarecer o porquê desta baixa relação entre variância genética entre famílias e variância genética dentro de famílias baseia-se na constituição da população utilizada no experimento. Uma segunda possibilidade é o fato de os acasalamentos utilizados na constituição da população base advirem de combinações entre genitores de baixa divergência genética. Outra questão é o pequeno número de famílias avaliadas, o que certamente contribuiu para menor variação entre elas.

3.5.4 Comparação da herdabilidade entre clones e famílias

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo, de clones e entre e dentro de famílias estão apresentadas no Quadro 13. Observa-se que as herdabilidades de clones apresentaram menores magnitudes em comparação às herdabilidades das famílias, principalmente para os caracteres TBH e TCH.

Quadro 13 – Estimativas de herdabilidade, no sentido amplo, de clones (h^2_i), de famílias (h^2_f) e dentro de famílias (h^2_w) para os caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

Estimativa	Caracteres							
	Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
s								
h^2_i	0,71	0,50	0,74	0,38	0,57	0,31	0,20	0,28
h^2_f	0,73	0,61	0,85	0,29	0,83	0,77	0,86	0,85
h^2_w	0,67	0,42	0,68	0,36	0,47	0,20	-	0,08

Skinner et al. (1987) apresentaram estimativas de herdabilidade, no sentido amplo, das famílias na etapa inicial com plantio de “seedling”, ou plantio de colmos. A estimativa para TCH (0,75), TBH (0,76), diâmetro médio de colmos (0,71), comprimento médio de colmos (0,84) e número de colmos (0,90). As estimativas do presente trabalho foram superior para TBH (0,86), TCH (0,85) e diâmetro médio de colmos (0,85), e inferiores para comprimento médio de colmos (0,61) e número de colmos (0,29). Bressiani (2001) trabalhando com populações mistas, obteve as seguintes estimativas para herdabilidade em nível de famílias para Brix (0,87), comprimento médio de colmos (0,64), diâmetro médio de colmos (0,83), TCH (0,78) e TBH (0,79). As estimativas para TCH e TBH foram superiores às encontradas por Bressiani (2001). Já as estimativas para diâmetro médio de colmos e comprimento médio de colmos apresentaram magnitude semelhantes. Para Brix, a estimativa foi inferior.

3.5.5 Análise de trilha

No Quadro 14, são apresentados os efeitos diretos e indiretos dos caracteres comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC) e produção estimada de colmos (PE) sobre o caráter tonelada de colmos por hectare (TCH).

O desdobramento dos coeficientes de correlação genotípica, envolvendo tonelada de colmos por hectare e seus componentes, indicaram que o diâmetro médio de colmos (DC) e o número de colmos (NC) foram as principais causas explicativas dos valores de TCH, como indicado pelos seus efeitos diretos 0,9410 e 0,8868, respectivamente, e correlações significativas.

Quadro 14 - Efeitos diretos (diagonal) e indiretos dos caracteres comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC) e produção estimada de colmos (PE) da coluna (X) via coluna (Y) sobre o caráter tonelada de colmos por hectare (TCH)

Variável (X)	(Y)					$r_G(\text{TCH})$
	CC	DC	NC	PMC	PE	
CC	0,2997	0,3940	0,0463	-0,0726	-0,2100	0,4575**
DC	0,1255	0,9410	-0,0038	-0,1213	-0,2992	0,6421**
NC	0,0156	-0,0040	0,8868	0,0217	-0,2931	0,627**
PMC	0,1804	0,9455	-0,1598	-0,1207	-0,2316	0,6138**
PE	0,1460	0,6533	0,6031	-0,0649	-0,4310	0,9067**
Coeficiente de determinação						0,8324
Efeito da variável residual						0,4092

** , significativo ao nível de 1% pelo teste t ($H_0: \rho = 0$)

Nota-se que o efeito direto para peso médio de colmos (PMC) e produção estimada de colmos (PE) e suas correlações apresentam sinais contrários, indicando a ausência de causa e efeito, ou seja, o caráter auxiliar não é o principal determinante das alterações na variável básica, existindo outros caracteres que poderão proporcionar maior impacto em termos de ganhos de seleção (Cruz e Regazzi, 1997). O diâmetro médio de colmos foi o caráter que apresentou maior efeito indireto, 0,9455, via peso médio de colmos sobre o caráter TCH. No caso da produção estimada de colmos (PE), os caracteres diâmetro médio de colmos e número de colmos apresentaram efeitos indiretos de 0,6533 e 0,6031 respectivamente, indicando que estes dois caracteres são os maiores responsáveis pelo coeficiente de correlação genética entre produção estimada de colmo e tonelada de colmos por hectare.

A existência de correlação negativa entre diâmetro médio de colmos e número de colmos (-0,0043) indica a necessidade de se fazer seleção simultânea de caracteres quando se deseja aumentá-las simultaneamente.

O efeito residual do modelo proposto foi de 0,4090 para tonelada de colmos por hectare (TCH). Com isso foi possível explicar 83% da variação da tonelada de colmos por hectare com o conjunto de caracteres explicativos utilizados.

Os efeitos diretos e indiretos do Brix e TCH sobre o caráter TBH são apresentados no Quadro 15.

Quadro 15 - Efeitos diretos (diagonal) e indiretos dos caracteres tonelada de colmos por hectare (TCH) e Brix da coluna (X) via coluna (Y) sobre o caráter tonelada de Brix por hectare (TBH)

Variável (X)	(Y)		r _G (TBH)
	TCH	Brix	
TCH	0,9970	-0,0064	0,9906**
Brix	0,1262	-0,0507	0,0755**
Coeficiente de determinação			0,9971
Efeito da variável residual			0,0530

Pelo resultados apresentados, verifica-se que TCH, mostrou ser o principal caráter responsável pela determinação de TBH, pois apresentou efeito direto de 0,9970. O modelo escolhido pode explicar 99% da variação da tonelada de Brix por hectare.

No Quadro 16, apresentam-se os efeitos diretos e indiretos do comprimento médio de colmos (CC) e diâmetro médio de colmos (DC) sobre o caráter peso médio de colmos (PMC).

Quadro 16 - Efeitos diretos (diagonal) e indiretos dos caracteres comprimento médio de colmos (CC) e diâmetro médio de colmos (DC) da coluna (X) via coluna (Y) sobre o caráter peso médio de colmos (PMC)

Variável (X)	(Y)		r_G (PMC)
	CC	DC	
CC	0,2197	0,3821	0,6019**
DC	0,0919	0,9128	1,0048**
Coeficiente de determinação			1,05
Efeito da variável residual			0,00

** , significativo ao nível de 1% pelo teste t ($H_0: \rho = 0$)

Os resultados revelam o diâmetro médio de colmos (DC) como a principal causa explicativa do valor de correlação com peso médio de colmos (PMC), como indicado pelo seu efeito direto elevado (0,9128).

A presença do efeito direto do diâmetro médio de colmo (DC) sobre peso médio de colmos (PMC) permite ao melhorista, por meio da seleção de clones com maior diâmetro médio de colmo (DC), elevar o peso médio de colmo (PMC) e também do TCH.

3.6 Seleção de clones

O Quadro 17 são apresentados os valores de ganho esperado com a seleção e coeficiente de variação genético para as famílias do acasalamento biparental, do policruzamento e da autofecundação.

Considerando os diferentes sistemas de acasalamento, verifica-se, pelo Quadro 17, que os ganhos esperados com a seleção para uma proporção selecionada de 15% são de mesma magnitude. Os ganhos esperados de seleção dos caracteres produção estimada de colmos e tonelada de colmos por hectare, para as famílias de policruzamento, apresentaram magnitude inferiores quando comparados aos das famílias de acasalamento biparental e autofecundação.

Quadro 17 - Ganhos esperados com a seleção, coeficiente de variação genético e a relação entre o coeficiente de variação genético e ambiental para os caracteres Brix, comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), tonelada de Brix por hectare (TBH) e tonelada de colmos por hectare (TCH)

Estimativas	Caracteres							
	Brix	CC	DC	NC	PMC	PE	TBH	TCH
GS _b	1,02	0,23	3,48	5,17	0,38	5,27	2,53	18,27
GS _{pl}	1,45	0,05	2,76	6,04	0,23	1,59	-	3,54
GS _a	1,43	0,21	3,70	4,02	0,28	5,82	2,19	14,63
CV _{gb}	4,21	10,90	11,37	26,01	31,35	24,97	18,77	22,91
CV _{gpl}	5,25	11,77	8,03	26,30	21,36	12,27	-	8,82
CV _{ga}	5,56	10,75	11,50	22,08	32,25	35,66	26,91	30,44
CV _{gb} /CV _e	1,29	1,08	1,70	0,80	1,17	0,61	0,42	0,55
CV _{gpl} /CV _e	1,58	0,36	1,24	0,87	0,85	0,34	-	0,23
CV _{ga} /CV _e	1,69	1,01	1,56	0,66	0,81	0,66	0,38	0,48

A relação CV_g/CV_e maior que um (Quadro 17) para os caracteres é favorável à seleção de clones nas famílias de acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação, uma vez que a variação genética foi de maior magnitude do que a variação ambiental.

A distribuição de freqüências dos caracteres Brix, número de colmos (NC), comprimento médio de colmos (CC), diâmetro médio de colmos (DC), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos (PE), TBH e TCH para os acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação são apresentados nas Figuras de 1 a 8.

Como pode ser observado na Figura 1, o Brix para os três sistemas de acasalamento não acarretou diferenças bruscas entre as progênies. O acasalamento biparental apresentou as melhores famílias com valores de Brix maiores. Segundo Hogarth et al. (1981) e Bastos (2001) o Brix é uma característica cuja a variância genética aditiva é predominante. Portanto a autofecundação não acarretou depressão endogâmica tão acentuada para este caráter.

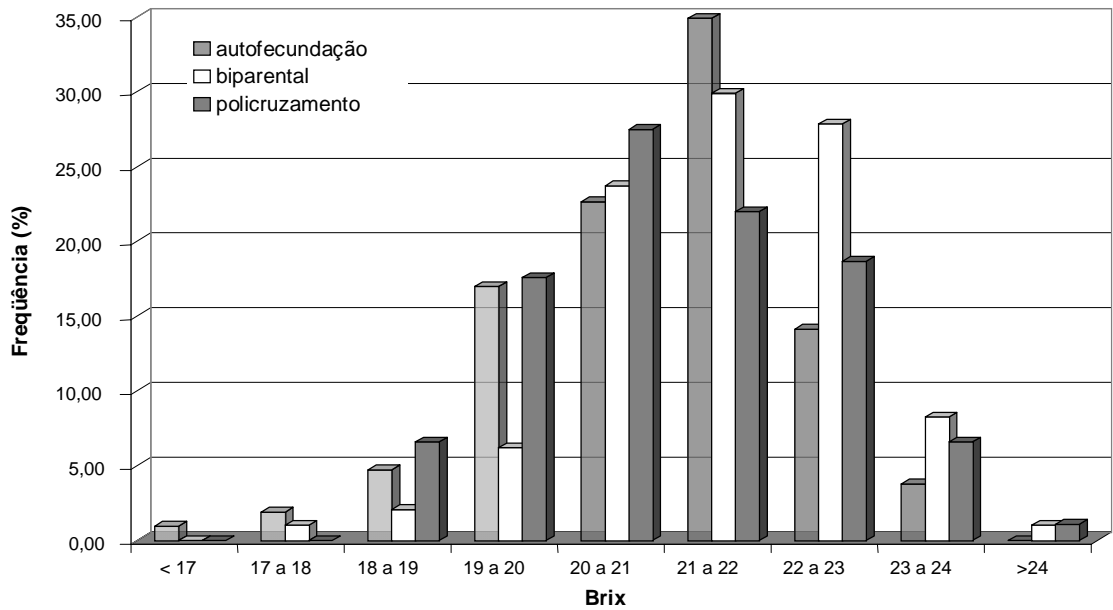


Figura 1 - Distribuição de freqüência do Brix dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

Outro caráter que é regido pela variância genética aditiva é o número de colmos (Hogarth et al., 1981; Bastos, 2001). Na Figura 2, nota-se que os três sistemas de acasalamento se comportam de maneira semelhante, não existindo aquele que apresente melhor performance em relação aos outros.

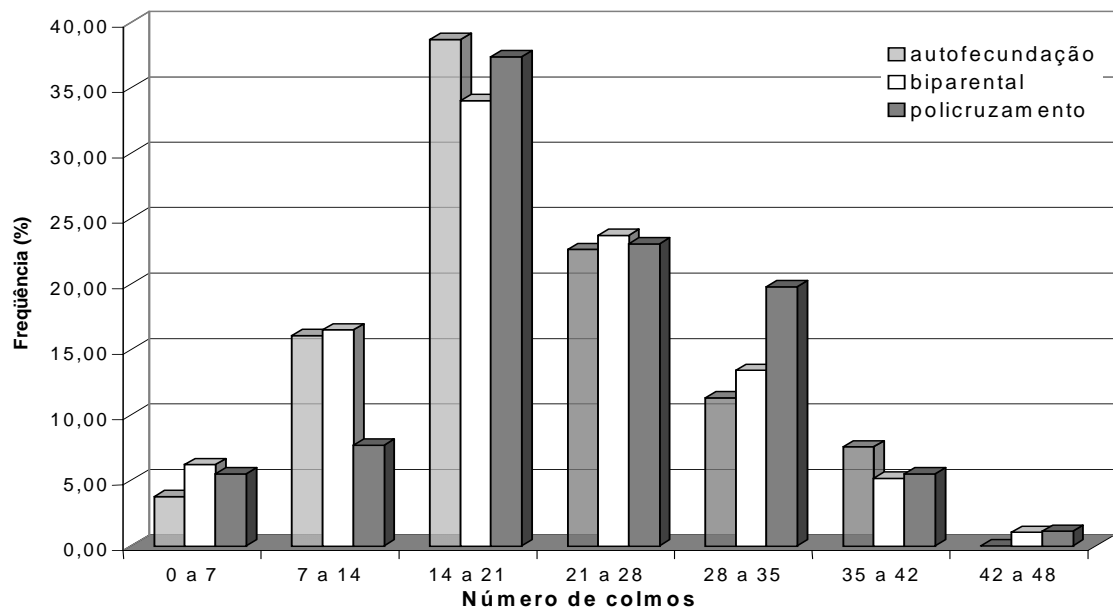


Figura 2 - Distribuição de freqüência do número médio de colmos dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

Na presença de endogamia, os clones gerados pela autofecundação apresentaram reduções no comprimento médio de colmos em relação aos outros dois sistemas de acasalamento (Figura 3). O mesmo fato pode ser notado nas Figuras 4, 5, 6, 7 e 8 para os caracteres diâmetro médio de colmos, peso médio de colmos, produção estimada de colmos, TBH e TCH respectivamente.

Desconsiderando o efeito da epistasia, o valor genotípico é função do valor genético aditivo mais o desvio devido à dominância. Quando não existe dominância o valor genotípico é igual ao valor genético. Como já foi mencionado, para ocorrer depressão endogâmica é necessário haver dominância ($-2pqdF$) e, quanto maior for o coeficiente de parentesco entre os genitores, maior será a depressão causada pela endogamia. Segundo Hogarth et al. (1981) e Bastos (2001), para caracteres relacionados com a produção, com exceção para número de colmos, tanto a variância genética aditiva quanto a não aditiva são importantes.

Uma teoria para explicar essa depressão endogâmica é que a cana-de-açúcar possui elevada carga genética, ou seja, os alelos desfavoráveis não se expressam no indivíduo devido à dominância, mas se expressariam na descendência e gerariam indivíduos com baixa performance, diminuindo, assim a probabilidade de identificar genótipos superiores.

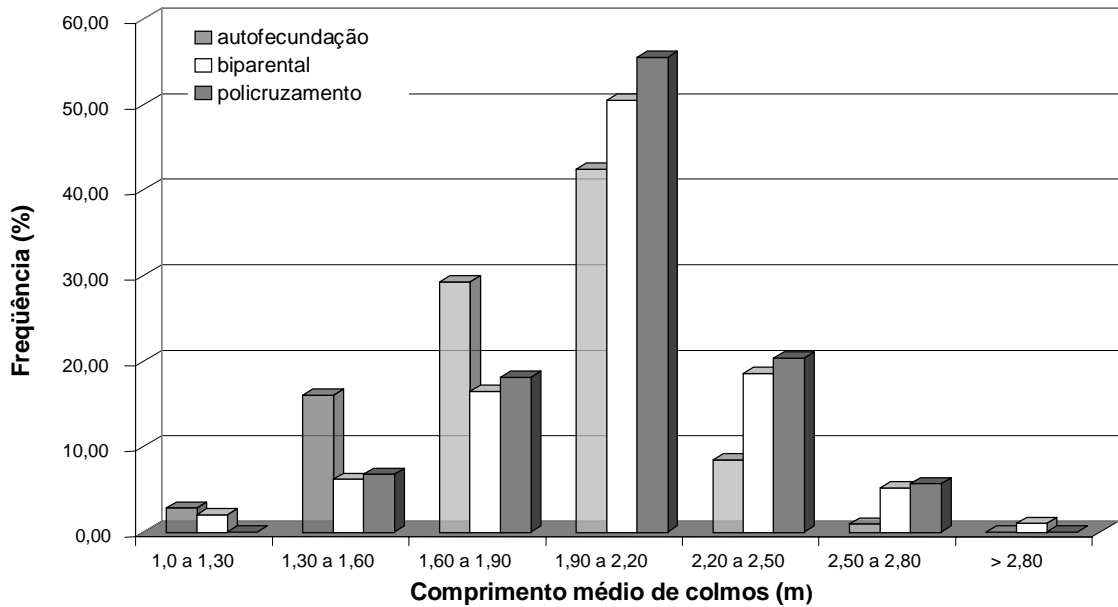


Figura 3 - Distribuição de freqüência do comprimento médio de colmos dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

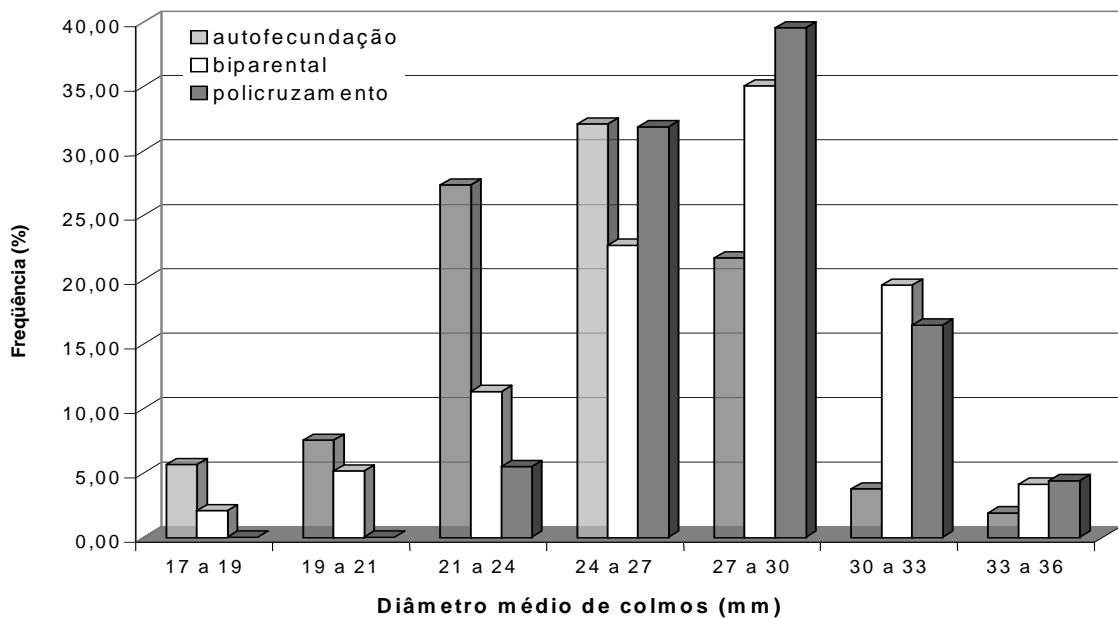


Figura 4 - Distribuição de freqüência do diâmetro médio de colmos dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

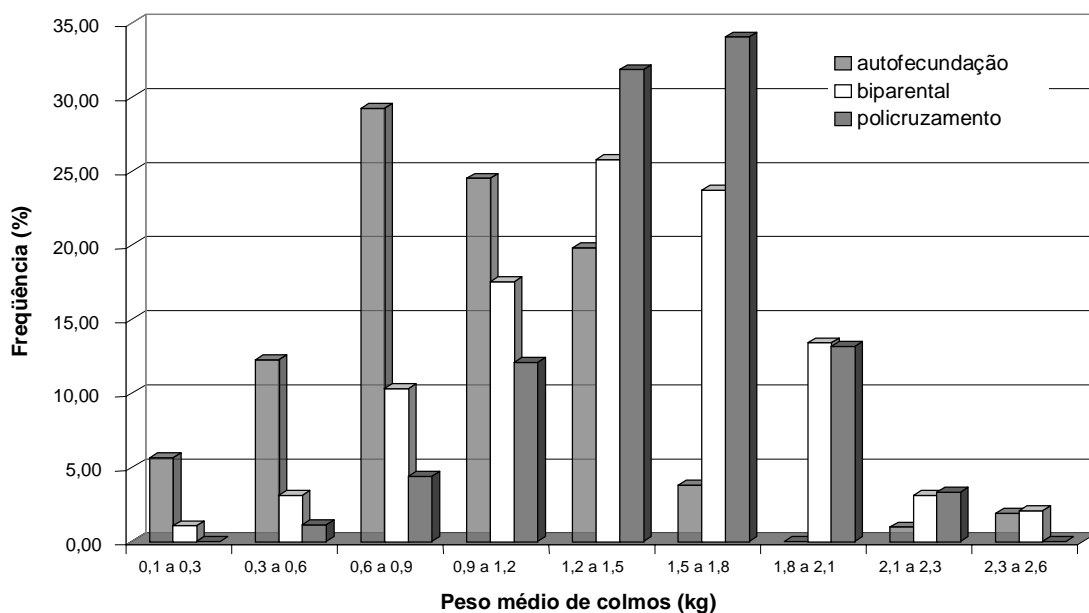


Figura 5 - Distribuição de freqüência do peso médio de colmos dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

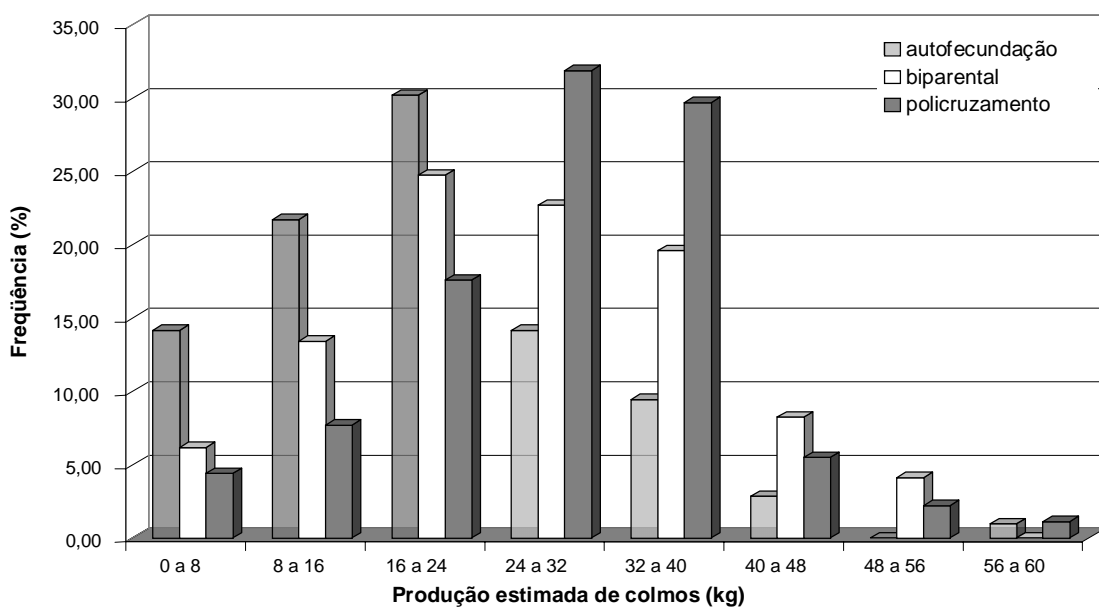


Figura 6 - Distribuição de freqüência da produção estimada de colmos dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

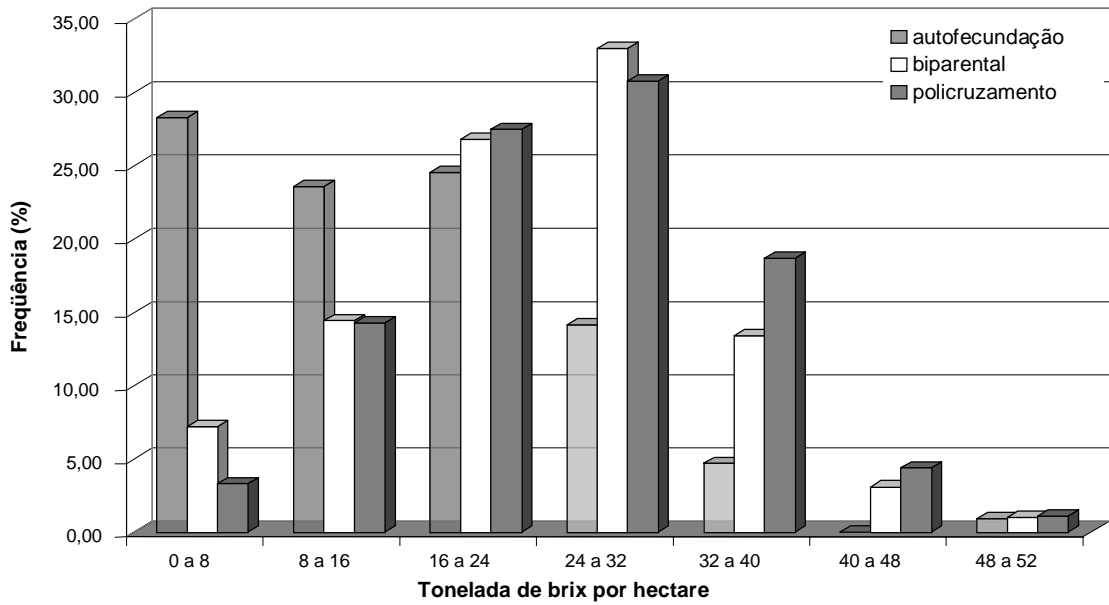


Figura 7 - Distribuição de freqüência da tonelada de Brix por hectare dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

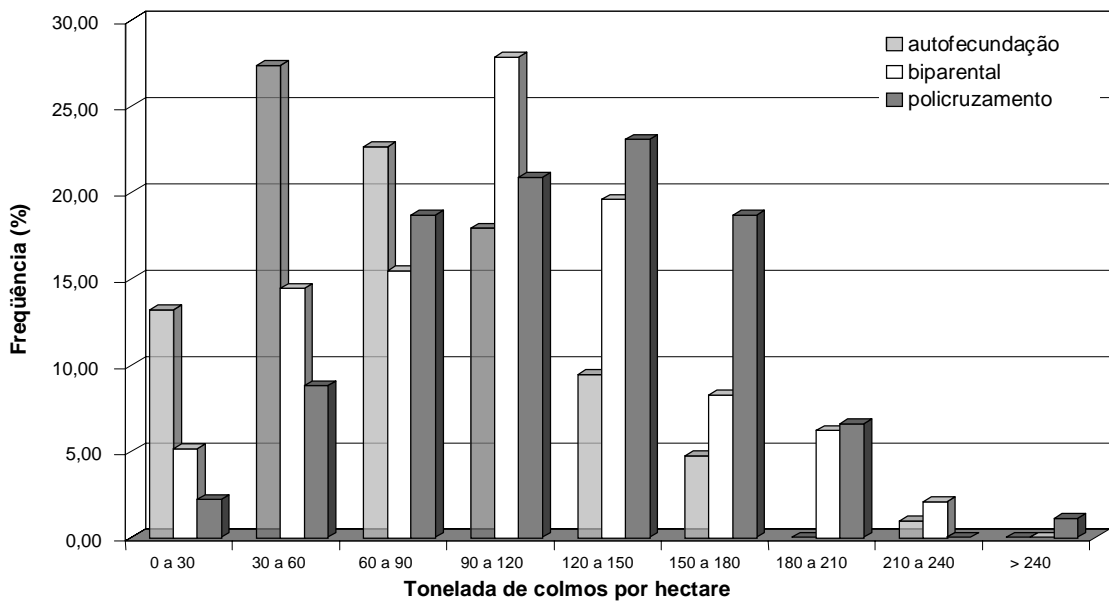


Figura 8 - Distribuição de freqüência da tonelada de colmos por hectare dos clones gerados por acasalamento biparental, policruzamento e autofecundação.

Os clones selecionados e as famílias a que eles pertencem são apresentados no Quadro 18. A família CB45-3 x ? apresentou 20% dos clones selecionados, seguida pela família RB72454 x RB855036, com 13%.

Quadro 18 – Clones selecionados e suas respectivas famílias para uma proporção selecionada de 15% com base na tonelada de Brix por hectare (TBH)

Código dos clones	Famílias	TBH	TCH
147	RB72454 x RB855036	53	239
179	RB83102 x ?	52	257
296	RB72454 ⊗	50	230
294	RB751194 x SP70-1143	45	205
110	RB855113 x ?	44	202
77	RB855113 x ?	44	194
207	RB72454 x RB855036	43	218
236	RB72454 x RB855036	42	185
312	SP70-1143 x ?	42	200
70	CB45-3 x ?	41	201
301	RB751194 x SP70-1143	40	185
288	RB72454 x RB83102	40	190
318	SP70-1143 x ?	39	180
36	RB72454 x RB83102	39	171
245	NA56-79 x RB91524	38	172
257	RB72454 x RB855036	38	171
187	RB72454 x RB855036	38	175
234	RB83102 x ?	38	175
218	RB83102 x ?	38	169
55	RB72454 x RB83102	38	186
338	SP88-754 ⊗	38	178
250	NA56-79 x RB91524	37	170
303	RB751194 x SP70-1143	37	170
160	NA56-79 x RB91524	37	181
128	CB45-3 x ?	36	197
97	NA56-79 x ?	36	171
31	CB45-3 x ?	36	169
6	RB72454 x RB83102	35	162
175	SP81-1763 ⊗	35	172
81	RB855113 x ?	35	157
190	SP88-754 ⊗	35	158
235	RB72454 x RB855036	34	150
304	RB72454 ⊗	34	162
193	CB45-3 x ?	34	155
121	CB45-3 x ?	34	171
84	RB855113 x ?	34	153
166	NA56-79 x ?	33	154
144	RB72454 ⊗	33	156
195	CB45-3 x ?	33	158
105	RB83102 x ?	33	152
259	RB83102 x ?	33	157
39	RB72454 x RB83102	33	147
220	RB855113 x ?	32	142
198	CB45-3 x ?	32	156
119	CB45-3 x ?	32	156
109	CB45-3 x ?	32	150
Média SP80-1816		18,94	83,27
Média RB855536		26,28	116,04
Média geral dos clones		20,76	96,47
Média clones selecionados		37,72	176,28

TCH – tonelada de colmos por hectare

Embora os clones da família RB72454 x RB855036 possuam certo nível de endogamia, pois a RB72454 é o genitor feminino da RB855036, há evidência de que a frequência de alelos favoráveis é tão importante quanto a heterose para decidir sobre os cruzamentos a serem realizados. Isso porquê há indícios que a RB72454 constitui-se em um genitor de boa capacidade geral de combinação, tendo como base as variedades e clones promissores produzidos atualmente pelos programas de melhoramento de cana-de-açúcar no Brasil. Outro resultado que chama a atenção e que de certa forma pode relevar as evidências de elevada frequência de alelos favoráveis presente na RB72454, foi a seleção dos clones 296, 304 e 144 (Quadro 18) gerados pela autofecundação, tendo sido o clone 296 classificado em terceiro lugar.

A princípio, sugere-se que as progênies provenientes de autofecundação poderiam ser utilizadas para inferir sobre a carga genética dos seus respectivos genitores. A carga genética poderia ser mais um critério para predição de cruzamentos em cana-de-açúcar.

Considerando a evidência de elevada depressão endogâmica para produção de colmos e seus componentes, verificada neste trabalho, sugere-se a utilização de clones endogâmicos e produtivos na formação de populações base para programas de seleção recorrente. Pelos resultados obtidos verificase que isto é possível, tendo para tanto sido selecionados nesta população os clones endogâmicos de número 296, 338, 175, 190, 304 e 144.

4 CONCLUSÕES

As análises realizadas neste trabalho permitiram obter as seguintes conclusões:

- Pode-se utilizar, no melhoramento da cana-de-açúcar, tanto o acasalamento biparental como policruzamento para a seleção de clones.
- A autofecundação não é indicada para ser utilizada na seleção de clones porque os materiais podem possuir elevada carga genética e, quando combinados em híbridos, promoveriam elevada depressão endogâmica.
- Há evidência de que a depressão por endogamia em cana-de-açúcar é acentuada para os caracteres tonelada de colmos por hectare, tonelada de Brix por hectare, comprimento, diâmetro e peso médio de colmos, pouco acentuada para Brix e não acentuada para números de colmos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBOSA, M.H.P. **Capacidade combinatória e comparação entre critérios de seleção de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.)**. Lavras, MG: UFLA, 141p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, 1996.
- BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.I da. Metodologia de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **STAB – Açúcar, Álcool e Subprodutos**. Piracicaba, v.18, n.3, p.30-32, 2000.
- BASTOS, I.T. **Capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*)**. Viçosa, MG. UFV, 44p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- BRESSIANI, J.A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. Piracicaba, SP: ESALQ, 134p. Tese (Doutorado em Agronomia) Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001.
- BROWN, A.H.D.; DANIELLS, J.; LATTER, B.D.H. Quantitative genetics of sugarcane. I – Analysis of variation in a commercial hybrid sugarcane population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.38, p. 361-369, 1968.
- BROWN, A.H.D.; DANIELLS, J.; LATTER, B.D.H. Quantitative genetics of sugarcane. II – Correlation Analysis of continuous characters in relation to hybrid sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, v.39, p. 1-10, 1969.

- COPERSUCAR. **Censo Copersucar 2000**. Piracicaba, 2001. 16p.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes, aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 1997. 442 p.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, 1997. 390 p.
- FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.
- FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, v.55, p.198-208, 1956.
- FERREIRA, W.D. **Implicação do número de famílias no processo seletivo na cultura do feijoeiro**. Lavras, MG. UFLA, 66p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, 1998.
- GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba, Livraria Nobel. S.A, 1990. 467p.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallell crossing systems. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.22, p. 103-109, 1956.
- HEINZ, D.J.; TEW, T.L. Hybridization procedures. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. P. 313-342.
- HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. I. Estimation of variance components. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 22, p. 93-102, 1971a.
- HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlation and predict response to selection. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 22, p. 103-109, 1971b.

- HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 28, 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.
- JACKSON, P.A.; McRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments, I. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, v. 43, p. 109 – 118, 1995a.
- JACKSON, P.A.; McRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments, II. Patterns of response and association with environmental factors. **Field Crops Research**, v. 43, p. 119 – 130, 1995b.
- JACKSON, P.A.; BULL, J.K.; McRAE, T.A. The role of family selection in a sugarcane breeding program and its effect in genotype x environment interactions. In: **International society of sugar cane technologists congress**, 22., Cartagena, 1995. **Proceedings**. Cali: Tecnicaña, 1996. p 261-270.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, v.25, January-february, p.192-194, 1985.
- LAMBERT, E.S. **Híbridos interespecíficos de batata com diferentes proporções do genoma de espécies exóticas**. Lavras, MG. UFLA, 90p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, 2001.
- MACHADO Jr.; G.R.; WALKER, D.I.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, J.A.G. Utilização da água quente para emasculação de flechas de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*). **STAB – Açúcar, Álcool e Subprodutos**. v.13, n.6, p.28-32, 1995.
- RAMALHO, M.A.P; SANTOS, J.B. dos; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agricultura**. São Paulo: Globo, Lavras: FAEPE, 1990. 359p.

- 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, 1987. p. 409 – 453.
- SPRAGUE, G.F., TATUM, L.A. General versus specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v.34, n.10, p.923-932, 1942.
- VEIGA, C.F.M. **Influência do ambiente na fase inicial de seleção de progênies de cana-de-açúcar**. Viçosa, MG. UFV, 122p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1992.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA,P. Erro de estimativa de coeficiente de correlação genética. In: Genética Biométrica no Fitomelhoramento. Ribeirão Preto: **Revista Brasileira de Genética**, p. 444-446, 1992.