

FELIPE LOPES DA SILVA

SELEÇÃO DENTRO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA BLUP
INDIVIDUAL SIMULADO

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

FELIPE LOPES DA SILVA

SELEÇÃO DENTRO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA BLUP
INDIVIDUAL SIMULADO

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

APROVADA: 24 de novembro de 2009.

Prof. Luiz Alexandre Peternelli
(Co-orientador)

Marcos Deon Vilela de Resende
(Co-orientador)

Antonio Carlos Baião de Oliveira

Antonio Alves Pereira

Prof. Márcio Henrique Pereira Barbosa
(Orientador)

Dedico este trabalho à minha esposa Ana Claudia e ao meu filho Caio, pelo exemplo de amor e dedicação para comigo.

Em homenagem a todos os meus familiares, certo de que cada um, ao seu tempo, deu a contribuição necessária para a minha formação profissional.

“Vivo sem receio das tempestades
pois estou aprendendo a velejar o meu barco.”

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus pelo dom da vida e por estar sempre iluminando a minha caminhada.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização deste curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelas bolsas de estudo concedidas.

À minha esposa Ana Claudia pelo apoio, amor, carinho e compreensão proporcionados não só ao longo deste curso, mas durante todo o nosso convívio, enfrentando ao meu lado as barreiras da vida.

Ao meu filho Caio por completar a minha vida e por ser a grande razão de eu buscar minhas realizações profissionais.

Aos meus pais, Alcides e Márcia, e meus irmãos, Simão e Samuel, que sempre me apoiaram na caminhada dos estudos, incentivando-me e mesmo distantes souberam me amar às suas maneiras.

Ao meu sogro e minha sogra, Nerlito e Almerinda, e meus cunhados, Eliane e Evandro, pelo apoio, incentivo e dedicação para comigo e minha esposa ao longo de nossas caminhadas.

Aos demais familiares por ter contribuído direta ou indiretamente para a minha formação pessoal e profissional.

Ao grande amigo Prof. Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela orientação, confiança e pelo incentivo à minha inicialização aos estudos de Genética e Melhoramento de Plantas

Aos amigos e co-orientadores Prof. Luiz Alexandre Peternelli e Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pela orientação e incentivo ao longo deste curso.

À Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais pelo apoio e incentivo concedidos a mim para o término desse curso.

Aos colegas da Unidade Regional EPAMIG Zona da Mata, principalmente, Juliana Cristina Vieccelli, Plínio César Soares, Trazilbo José de Paula Júnior, Antonio Carlos Baião de Oliveira, Antonio Alves Pereira, Francisco Carlos de Oliveira Silva e Sérgio Maurício Lopes Donzeles, que me apoiaram e me incentivaram na busca deste título.

Enfim, a todos que direta ou indiretamente contribuíram para o êxito deste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS DO ANEXO.....	v
LISTA DE FIGURAS DO ANEXO	vi
RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
INTRODUÇÃO GERAL	1
ARTIGO CIENTÍFICO 1.....	3
VALIDAÇÃO DO MÉTODO DE SELEÇÃO BLUP INDIVIDUAL SIMULADO EM FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	3
RESUMO	4
ABSTRACT	5
1. Introdução.....	6
2. Material e Métodos.....	7
2.1. Detalhes experimentais.....	7
2.2. Procedimentos de análise dos dados.....	8
2.3. Metodo do BLUP individual simulado (BLUPIS).....	9
2.4. Comparação entre BLUPIS e BLUPI.....	10
3. Resultados e Discussão	10
3.1. Caracterização da população	10
3.2. Seleção via métodos BLUPIS e BLUPI.....	12
3.3. Validação do método de seleção BLUPIS	14
4. Conclusões.....	16
5. Agradecimentos.....	17
6. Referências Bibliográficas.....	18
ARTIGO CIENTÍFICO 2.....	28
EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO VIA BLUP INDIVIDUAL SIMULADO DENTRO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTÁGIO DE CANA-SOCA	28
RESUMO	29
ABSTRACT	30
1. Introdução.....	31
2. Material e Métodos.....	32
2.1. Detalhes experimentais.....	32
2.2. Procedimentos de análise dos dados.....	33
2.3. Metodo de seleção BLUP individual simulado (BLUPIS).....	34
2.4. Comparação entre BLUPIS e BLUPI.....	35
3. Resultados e Discussão	35
3.1. Caracterização da população	35
3.2. Seleção via métodos BLUPIS e BLUPI.....	36
3.3. Eficiência do método de seleção BLUPIS	38
4. Conclusões.....	40
5. Agradecimentos.....	41
6. Referências Bibliográficas.....	42
CONCLUSÕES GERAIS	51
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS GERAIS.....	52
ANEXOS.....	55

LISTA DE TABELAS DO ANEXO

Tabela A1 – Número, código e número de genótipos avaliados em cada família de irmão germano de cana-de-açúcar para os estágios de cana-planta e cana-soca. Oratórios, MG, 2005 e 2006.....	56
Tabela A2 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias destes parâmetros, das probabilidades de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ serem iguais a zero e a um, respectivamente, e dos coeficientes de determinação (R^2), obtidos das regressões entre o número total de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-planta, através do valor genotípico individual via BLUPI e o número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2005.....	58
Tabela A3 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias destes parâmetros, das probabilidades de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ serem iguais a zero e a um, respectivamente, e dos coeficientes de determinação (R^2), obtidos das regressões entre as distribuições dentro de cada repetição do número de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-planta, através do valor genotípico individual via BLUPI e do número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2005.....	59
Tabela A4 – Distribuição do número de indivíduos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPIS e de selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI) dentro das repetições, para as características massa média de colmos (MMC) e sólidos solúveis totais (BRIX), para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120, para o estágio de cana-soca. Oratórios, MG, 2006.....	60
Tabela A5 – Distribuição dentro das repetições do número de indivíduos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPIS e dos selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI), para as características tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH), para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120, para o estágio de cana-soca. Oratórios, MG, 2006.....	61

Tabela A6 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias destes parâmetros, das probabilidades de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ serem iguais a zero e a um, respectivamente, e dos coeficientes de determinação (R^2), obtidos das regressões entre o número total de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, através do valor genotípico individual via BLUPI e o número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2006.....	62
Tabela A7 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias destes parâmetros, das probabilidades de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ serem iguais a zero e a um, respectivamente, e dos coeficientes de determinação (R^2), obtidos das regressões entre as distribuições dentro de cada repetição do número de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, através do valor genotípico individual via BLUPI e do número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2006.....	63

LISTA DE FIGURAS DO ANEXO

Figura A1 – Resposta à seleção do método alternativo de seleção sem a avaliação individual dentro de famílias comparado ao método de seleção via BLUPI.....	57
Figura A2 – Comparação entre as metodologias BLUPIS e BLUPI para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família iguais a 50, 100 e 120, considerando o número total de indivíduos selecionados em cada família de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, para as características: (a) massa média de colmos (MMC); (b) sólidos solúveis totais (BRIX); (c) tonelada de colmos por hectare (TCH); (d) toneladas de BRIX por hectare (TBH). Oratórios, MG, 2006.....	64
Figura A3 – Comparação entre as metodologias BLUPIS e BLUPI para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família iguais a 50, 100 e 120, considerando número de indivíduos selecionados por família de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, em cada repetição experimental para as características: (a) massa média de colmos (MMC); (b) sólidos solúveis totais (BRIX); (c) tonelada de colmos por hectare (TCH); (d) toneladas de BRIX por hectare (TBH). Oratórios, MG, 2006.....	65

RESUMO

SILVA, Felipe Lopes da, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2009.
Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado.
Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-orientadores: Luiz Alexandre Peternelli e Marcos Deon Vilela de Resende.

O objetivo do estudo foi o de avaliar a eficiência do método BLUP individual simulado (BLUPIS) na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar nos estágios de cana-planta e cana-soca, através da comparação com a seleção utilizando o método BLUP individual (BLUPI). Paralelamente, foi estabelecido o número ótimo de genótipos a serem selecionados na melhor família para quatro características avaliadas. Foram avaliadas dezessete famílias de irmãos germanos no Centro de Experimentação em Cana-de-açúcar (CECA), localizado em Oratórios, MG. As variáveis utilizadas para a validação do método BLUPIS foram massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH). As equações de modelo misto foram utilizadas para calcular os valores genotípicos de cada família e os valores genotípicos de cada indivíduo dentro de família (BLUPI). O método BLUPIS, foi eficiente na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar quando comparado à seleção realizada utilizando os valores genotípicos individuais preditos via BLUPI, para as características avaliadas. Os números ótimos de genótipos a serem selecionados na melhor família obtendo a maior eficiência do método BLUPIS, para o estágio de cana-planta foram: 50 indivíduos para MMC, 100 para TCH e TBH, e 120 para BRIX. Para o estágio de cana-soca o número ótimo foi 100 para todas as características avaliadas. Contudo, os resultados obtidos são pertinentes apenas à este trabalho havendo necessidade da avaliação de maior número de experimentos para a possível generalização do número ótimo de genótipos a ser selecionado na melhor família de irmãos germanos para as características avaliadas.

ABSTRACT

SILVA, Felipe Lopes da, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, November, 2009.
Selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. Adviser:
Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-Advisers: Luiz Alexandre Peternelli and Marcos
Deon Vilela de Resende.

The objective of this study was to assess the efficiency of the simulated individual BLUP (BLUPIS) method in selecting genotypes within families of full sibs of sugarcane in the plant-cane and ratoon stages, through comparison with selection using the individual BLUP method (BLUPI). In parallel, the optimal number of genotypes to be selected in the best family will be established for four assessed characteristics. Seventeen full sibs families were assessed in the Center for Experimentation in Sugarcane (CECA), located in Oratórios, MG, Brazil, in the ratoon stage. Variables used for validation of the BLUPIS method were mean stems mass (MSM), total soluble solids assay (BRIX), ton of stems per hectare (TSH) and tons of Brix per hectare (TBH). Mixed model equations were used to estimate the genotypic values of each family and genotypic values of each individual within the family (BLUPI). BLUPIS method was efficient in genotypes selection within full sibs families of sugarcane in the ratoon stage when compared to the selection performed by individual genotypic values foreseen via BLUPI for the assessed characteristics. The optimal numbers of genotypes, to be selected in the best family by obtaining the higher efficiency of BLUPIS method with the selection by BLUPI, in the plant-cane stage, were 50 plants for MSW, 100 for TSH and TBH, and 120 for BRIX. For the ratoon stage the optimal number of genotypes was 100 for the characteristics assessed. However, the obtained results are relevant only for this work, being necessary to assess a larger number of experiments for possible generalization of the optimal number of genotypes to be selected in the best full sib family for the characteristics assessed.

INTRODUÇÃO GERAL

A cana-de-açúcar é uma planta alógama (Walker, 1987), pertencente à família *Gramineae* (*Poaceae*), tribo *Andropogoneae* e gênero *Saccharum*. Em nível de espécie, a sua classificação botânica mais aceita é aquela relatada por Jeswiet (1925), modificada por Brandes (1956), conforme citado por Daniels e Roach (1987). Segundo esses autores, no gênero *Saccharum* ocorrem seis espécies: *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. sinense*, *S. barberi* e *S. edule*.

As cultivares atuais, classificadas como *Saccharum* spp., são híbridos formados pelo cruzamento das espécies anteriormente mencionadas, exceto *S. edule*. Assim, Roach e Daniels (1987) relataram que essas cultivares são aloploplóides.

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 diferentes. Para maximizar a eficiência desse processo, são realizadas distintas etapas, envolvendo a escolha adequada dos genitores e a quantificação dos efeitos ambientais na expressão de cada caráter sob seleção (Matsuoka et al., 1999).

A seleção de indivíduos nas fases iniciais do melhoramento tem sido baseada nos métodos da seleção massal (Matsuoka et al., 1999; Mariotti et al., 1999), seleção seqüencial australiana (entre famílias seguida por seleção massal) (Mc Rae et al., 1998; Cox et al., 2000; Kimbeng e Cox, 2003) e seleção seqüencial modificada (Bressiani, 2001). Os dois últimos métodos utilizam a informação de família para seleção e, portanto, são superiores em relação à seleção massal para os caracteres que apresentam herdabilidade baseada nas médias de famílias maior do que a herdabilidade ao nível de plantas individuais.

Resende (2002b) relatou que uma estratégia ótima de seleção seria através dos valores genotípicos preditos pelo BLUP individual (BLUPI) que contemplaria simultaneamente as informações de família e de indivíduo para seleção. No entanto, este método não tem sido utilizado no melhoramento da cana-de-açúcar devido às dificuldades práticas em se obter dados de plantas individuais conforme relatado a seguir.

Um método prático que se assemelha ao BLUPI foi proposto por Resende e Barbosa (2006). Este método de seleção, denominado BLUP individual simulado (BLUPIS), visa promover uma alocação dinâmica do número de indivíduos selecionados por família, tomando por base o BLUP para os efeitos genotípicos das referidas famílias. Ainda de acordo com os autores, ao se utilizar o valor genotípico médio das parcelas experimentais

dentro de cada progênie, o método BLUPIS indica em qual repetição encontram-se os melhores indivíduos de cada família.

Em algumas culturas, como coqueiro (Farias Neto et al., 2009), cana-de-açúcar (Resende e Barbosa, 2006; Oliveira, 2007) e leguminosas forrageiras (Resende et al., 2006), o método de seleção dentro de famílias BLUPIS vem sendo utilizado. Contudo, poucos são os trabalhos que objetivam avaliar a eficiência deste método comparado ao método de seleção via os valores genotípicos individuais preditos (BLUPI).

Resende e Barbosa (2006) demonstraram que o BLUPIS apresentou elevada correlação (0.95) com o BLUPI quanto ao número de indivíduos a serem selecionados por família de irmãos germanos em eucalipto. Os autores concluíram que o BLUPIS é indicado para o melhoramento genético de espécies cujo registro de dados em nível de família (colheita total da parcela) é operacionalmente mais fácil do que em nível de plantas individuais, sendo, portanto indicado em cana-de-açúcar.

Diante disto, o objetivo do estudo foi o de avaliar a eficiência do método BLUPIS na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, nos estágios de cana-planta e cana-soca, através da comparação com a seleção utilizando o método BLUPI. Paralelamente, foi estabelecido o número ótimo de genótipos a serem selecionados na melhor família para as características massa média de colmos, teor de sólidos solúveis totais, tonelada de colmos por hectare e tonelada de BRIX por hectare.

ARTIGO CIENTÍFICO 1

VALIDAÇÃO DO MÉTODO DE SELEÇÃO BLUP INDIVIDUAL SIMULADO EM
FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

RESUMO

SILVA, Felipe Lopes, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2009.
Validação do método de seleção BLUP individual simulado em famílias de cana-de-açúcar. Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-orientadores: Luiz Alexandre Peternelli e Marcos Deon Vilela de Resende.

O objetivo do presente estudo foi validar o método de seleção de indivíduos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar denominado BLUP individual simulado (BLUPIS), através da comparação com a seleção utilizando o valor genotípico estimado de cada indivíduo (BLUP individual ou BLUPI). Paralelamente, foi estabelecido o número ótimo de genótipos a serem selecionados na melhor família para quatro características avaliadas. Foram avaliadas dezessete famílias de irmãos germanos no Centro de Experimentação em Cana-de-açúcar (CECA), localizado em Oratórios, MG, no estágio de cana-planta. As variáveis utilizadas para a validação do método BLUPIS foram massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH). As equações de modelo misto foram utilizadas para calcular os BLUPI. Para comparação entre os métodos foram realizadas análises de regressão linear. A utilização do BLUPIS foi validada para a seleção no estágio de cana-planta, quando comparado à seleção através dos BLUPI, para as características MMC, BRIX, TCH e TBH. Os valores dos números de indivíduos a serem selecionados na melhor família e que favoreceram a semelhança do método BLUPIS com a seleção via BLUPI foram: 50 indivíduos para MMC, 100 para TCH e TBH, e 120 para BRIX. Os resultados obtidos neste trabalho são pertinentes apenas a este estudo; sendo assim, há necessidade de avaliação de maior número de experimentos para a possível indicação do número ótimo de indivíduos a ser selecionado na melhor família de irmãos germanos para as características avaliadas no estágio de cana-planta.

Termos de indexação: estratégias de seleção, BLUPIS, modelos mistos, melhoramento genético.

ABSTRACT

SILVA, Felipe Lopes, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, November, 2009.
Validation of the simulated individual BLUP selection method in sugarcane families. Adviser: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-Advisers: Luiz Alexandre Peternelli and Marcos Deon Vilela de Resende.

The objective of this study was to validate the selection method of sugarcane plants within full-sib families called simulated individual BLUP (BLUPIS) by comparison with the selection based on the estimated genotypic value of each plant (individual BLUP or BLUPI). In parallel, the optimal number of genotypes to be selected in the best family will be established for four assessed characteristics. Seventeen full-sib families were evaluated at the Centro de Experimentação em Cana-de-açúcar (CECA), in Oratórios, state of Minas Gerais, in plant-cane. The variables used for the BLUPIS method validation were mean stalk weight (MSW), total soluble solids (BRIX), tons of stalks per hectare (TSH) and tons of Brix per hectare (TBH). Mixed model equations were used to calculate the BLUPI. Linear regression analysis was used for a comparison of the methods. The use of BLUPIS was validated for selection in plant-cane, in comparison with selection by BLUPI for the traits MSW, BRIX, TSH and TBH. The numbers of plants to be selected in the best family and that favored the similarity of the BLUPIS method with the selection by BLUPI were 50 plants for MSW, 100 for TSH and TBH, and 120 for BRIX. The results are relevant for this study only, since a larger number of experiments must be evaluated for the identification of the optimal number of plants to be selected in the best full-sib family for the traits evaluated in plant-cane.

Indexation terms: selection strategies, BLUPIS, mixed models, genetic improvement.

1. Introdução

Em cana-de-açúcar, a estratégia ótima de seleção de indivíduos nas fases iniciais do melhoramento seria através dos valores genotípicos preditos pelo BLUP individual (BLUPI), que contempla simultaneamente as informações de família e de indivíduo para seleção (Resende, 2002b). No entanto, este método não tem sido utilizado em cana-de-açúcar devido às dificuldades práticas em se obter dados de plantas individuais.

Assim, um método prático que se assemelha ao BLUPI foi proposto por Resende e Barbosa (2006). Este método de seleção, denominado BLUP individual simulado (BLUPIS), visa promover uma alocação dinâmica do número de indivíduos selecionados por família de irmãos germanos, tomando por base o BLUP para os efeitos genotípicos das referidas famílias, bem como o BLUP para os efeitos de parcela. Ainda de acordo com Resende e Barbosa (2006), ao se utilizar o valor genotípico médio das parcelas experimentais dentro de cada progênie, o método BLUPIS indica em qual repetição encontram-se os melhores indivíduos de cada família.

Resende e Barbosa (2006) demonstraram que o BLUPIS apresentou elevada correlação (0,9555) com o BLUPI quanto ao número de indivíduos a serem selecionados por família de irmãos germanos em eucalipto. Os autores concluíram que o BLUPIS é indicado para o melhoramento genético de espécies cujo registro de dados em nível de família (colheita total da parcela) é operacionalmente mais fácil do que em nível de plantas individuais, sendo, portanto indicado em cana-de-açúcar.

Diante do exposto, o objetivo do presente estudo foi validar o método de seleção de indivíduos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, denominado BLUP individual simulado (BLUPIS), através da comparação com a seleção utilizando o valor genotípico predito de cada indivíduo (BLUP individual - BLUPI), no estágio de cana-planta. Paralelamente, foi estabelecido o número ótimo de indivíduos a serem selecionados na melhor família para este estágio da cultura.

2. Material e Métodos

2.1. Detalhes experimentais

Foram avaliadas dezessete famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar. Os cruzamentos foram realizados em 2003 na Estação de Floração e Cruzamentos, a qual se localiza na Serra do Ouro, no município de Murici - AL, situada à latitude 9°13'S, longitude 35°50' W e a 450-500 m de altitude.

As plântulas obtidas de cada família foram transplantadas em março de 2004, no Centro de Experimentação em Cana-de-açúcar (CECA), localizado em Oratórios - MG (latitude 20°25' S, longitude 42°48' W e 494 m de altitude), pertence à Universidade Federal de Viçosa.

Cada parcela foi constituída por dois sulcos espaçados de 1,40 m, sendo cada sulco composto por dez plantas equidistantes a 0,5 m. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com seis repetições, totalizando um número de 120 genótipos avaliados por família. Exceto para uma família, em todas as outras famílias houve morte de indivíduos, de modo que o número total de indivíduos avaliados foi de 1913. Os tratos culturais do experimento foram realizados de acordo com aqueles comumente empregados no CECA.

As variáveis utilizadas para a validação do método BLUPIS foram massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH).

Em abril de 2005, no estágio de cana-planta, foram efetuadas as avaliações a nível de indivíduo dentro de parcela. As características avaliadas foram: altura média de colmo (AC), diâmetro médio de colmo (DC), número de colmos de cada genótipo (NC) e BRIX. A avaliação a nível de indivíduo foi necessária para que os valores genotípicos de cada genótipo (BLUPI) fossem estimados, proporcionando a seleção dos melhores genótipos bem como a validação do método alternativo BLUPIS.

Utilizando as características avaliadas foi possível estimar a variável MMC (expressa em kg) através do estimador proposto por Chang e Milligan (1992). Este estimador é definido por:

$$\text{MMC} = d \times \pi \times \text{AC} \times \left(\frac{\text{DC}}{2} \right)^2 \times \frac{1}{1000}, \text{ em que, } d \text{ é a densidade específica do colmo}$$

cujo valor sugerido é $1,0 \text{ g cm}^{-3}$; π é expresso pelo valor adimensional aproximado 3,141593; AC é a altura do colmo da base até o primeiro *dewlap* visível, expressa em cm, tomada aleatoriamente de um colmo da touceira; e, DC é o diâmetro, expresso em cm, do colmo mais representativo de cada indivíduo.

A característica TCH de cada indivíduo foi obtida através do estimador:

$$\text{TCH} = \text{MMC} \times \text{NC} \times \frac{10}{t_{\text{au}}}, \text{ em que } t_{\text{au}} \text{ é a área útil que cada indivíduo explora}$$

expressa em m^2 , sendo que neste trabalho o valor de t_{au} foi de $0,7 \text{ m}^2$ ($1,40 \text{ m} \times 0,5 \text{ m}$).

Para a obtenção da característica TBH, multiplicou-se o valor de TCH de cada indivíduo pelo valor correspondente de BRIX dividido por cem.

As informações a nível de parcela, necessárias para a aplicação do método BLUPIS, foram obtidas através da amostragem de 16 indivíduos aleatórios de cada parcela, por família, conforme recomendado por Leite (2007). Assim, através das médias das variáveis avaliadas nestes indivíduos (AC, DC, NC e BRIX) foi possível estimar os valores em nível de parcela das características utilizadas neste trabalho, conforme estimadores descritos anteriormente.

2.2. Procedimentos de análise dos dados

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional em genética e estatística Selegen-Reml/Blup (Resende, 2002a; 2007b).

As equações de modelo misto (Resende 2002b) foram utilizadas para calcular os efeitos genotípicos de cada família e os efeitos genotípicos de cada indivíduo dentro de família, utilizando para isto os modelos estatísticos 20 e 147 do Selegen-Reml/Blup, respectivamente (Resende, 2007b).

O modelo estatístico 20 é denotado por $y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos de família (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência

para os referidos efeitos. Este modelo é necessário para a estimação dos efeitos genotípicos de cada família que são imprescindíveis para a utilização do método de seleção BLUPIS.

O modelo estatístico 147 é denotado por $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Através deste modelo é realizada a seleção via valores genotípicos preditos pelo BLUPI.

Os componentes de variância foram obtidos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML e utilizados para computar as estimativas de herdabilidade individual e ao nível de médias de famílias de irmãos germanos, bem como para predição BLUP.

2.3. Método do BLUP individual simulado (BLUPIS)

O método BLUPIS foi descrito por Resende e Barbosa (2006) e consiste em determinar de forma dinâmica o número de indivíduos a serem selecionados em cada família, sem que haja avaliação individual destes.

A expressão que determina o número n_k de indivíduos a serem selecionados em cada família k é dado por:

$n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) n_j$, em que: \hat{g}_j refere-se ao maior efeito genotípico predito; \hat{g}_k refere-se ao efeito genotípico da k -ésima família; e, n_j equivale ao número de indivíduos selecionados na melhor família. Neste trabalho optou-se por utilizar os valores de 50, 100 e 120 indivíduos selecionados na melhor família e em cada característica, com o intuito de obter a melhor performance do método BLUPIS em comparação ao BLUPI.

O método BLUPIS elimina automaticamente as famílias com efeito genotípico negativo, ou seja, aquelas abaixo da média geral do experimento. Isto é razoável quando se considera a baixíssima probabilidade de se obter um clone superior nestas famílias (Resende e Barbosa, 2006).

Para a obtenção do número de indivíduos a ser selecionado de cada parcela r para cada família, foi utilizada a expressão:

$$r = \frac{(u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})}{\sum (u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})} \times n_k, \text{ em que: } u \text{ é a média geral; } \hat{g}_{parc_r} \text{ é o efeito genotípico}$$

de cada parcela de cada família; e, $\sum (u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})$ refere-se ao somatório dos valores genotípicos $(u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})$ de todas as parcelas da família k.

2.4. Comparação entre BLUPIS e BLUPI

Para comparação entre os métodos foram utilizadas análises de regressão linear segundo o modelo:

$y = \beta_0 + \beta_1 x$, em que, β_0 é o intercepto no eixo do y e β_1 é o coeficiente de regressão linear. Para a realização das análises de regressão foi utilizado o programa GENES (Cruz, 2006).

3. Resultados e Discussão

3.1. Caracterização da população

Na Tabela 1 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variância e de alguns parâmetros genéticos das características avaliadas, conforme modelo estatístico 20. Os valores dos coeficientes de variação residual (CvE) apresentados para as características avaliadas corroboram com a maioria dos valores descritos na literatura. Oliveira (2007) apresentou valores dos CvE para MMC, TCH e TBH de 8,67%, 8,67% e 9,17%, respectivamente, corroborando com os obtidos por Bastos (2001) (1,91%, 8,76% e 8,48%, respectivamente para MMC, TCH e TBH). Bressiani (2001) obteve valores variando de 11,6% a 12,8% para TCH e 11,4% a 12,3% para TBH. Estes autores sugerem que o conjunto de dados com este nível de CvE possuem alta precisão experimental.

Contudo, os valores de CvE são relativamente empíricos na medida em que não informam sobre a acurácia seletiva da avaliação e, conseqüentemente, não consideram o nível de variação genotípica e o número de repetições, mostrando ser um parâmetro inadequado para avaliar a qualidade de experimentos (Resende e Duarte, 2007).

Resende (2002b; 2007a) relata que um parâmetro adequado para avaliar a qualidade dos experimentos pode ser sumarizado em termos de uma única estatística, a qual

contempla, simultaneamente, o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípica. Este mesmo autor descreve que o valor F (de Snedecor), que é o valor da razão das variâncias para os efeitos de tratamentos (genótipos) e residual, associada à análise de variância, contempla os três parâmetros mencionados, estando diretamente associado à acurácia seletiva.

A acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. Segundo Henderson (1984), no contexto da avaliação genotípica, o parâmetro mais importante é a acurácia seletiva.

Considerando os valores de acurácia seletiva (Acfam) (Tabela 1), verificou-se que estes foram considerados altos para os caracteres BRIX, TCH e TBH, de acordo com valores sugeridos por Resende e Duarte (2007). Já para MMC, o valor de acurácia seletiva foi considerado muito alto, ou seja, acima de 0,90.

Analisando os valores do coeficiente de variação genotípica (CVgi), observa-se a presença de variabilidade genética para as características MMC, TCH e TBH, pois os valores deste parâmetro foram superiores a 10% (17,51%, 14,60% e 14,69%, respectivamente), como também demonstrado por Bastos et al. (2007).

Por meio dos valores do coeficiente de variação relativa (CVr), definido pela razão entre os coeficiente de variação genotípica e os coeficiente de variação ambiental, verificou-se que apenas para a característica MMC este valor foi superior à unidade. Segundo Vencovsky (1987), isto indica que a variação genética para esta característica supera a variação ambiental, sendo tal fato uma garantia da possibilidade de sucesso na identificação de genótipos superiores. No entanto, Resende e Duarte (2007), relataram que o parâmetro CVr não considera o número de repetições associadas aos experimentos, em outras palavras, esse critério não informa sobre a acurácia que está sendo praticada na seleção de genótipos superiores. Estes autores relataram ainda que, com números de repetições por experimento superiores a cinco, valores de CVr inferiores à unidade também podem propiciar elevadas acurácia e precisão.

Considerando as estimativas da herdabilidade da média de família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2), verifica-se que estas foram altas (variando de 0,63 a 0,88, aproximadamente), favorecendo o processo de seleção de famílias promissoras, uma vez que, as estimativas de acurácia seletiva foram também consideradas altas.

Na Tabela 2 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variância e de alguns parâmetros genéticos das características avaliadas ao nível individual de tomada de dados, conforme modelo estatístico 147. Analisando a herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) verifica-se que apenas para a variável MMC este parâmetro possuiu moderada magnitude (0,20), sendo que o referido erro padrão foi de pequena magnitude, indicando que esta herdabilidade é estatisticamente diferente de zero. Já para as demais características as \hat{h}_a^2 possuíram magnitudes baixas, sendo também relativamente baixos os seus respectivos erros padrões, indicando, também, herdabilidades estatisticamente diferentes de zero (Tabela 2). Estas significâncias foram confirmadas por meio de análises de deviance, conforme Resende (2007a).

3.2. Seleção via métodos BLUPIS e BLUPI

Na Tabela 3 estão apresentados os valores dos efeitos genotípicos de cada família, o número de indivíduos a serem selecionados dentro das melhores famílias, por meio do método BLUPIS e o número de indivíduos selecionados nas melhores famílias por meio do método BLUPI, para as características MMC e BRIX.

A seleção dos indivíduos via método BLUPI se deu a partir do $\sum n_k$ dos primeiros no ranking do valor genotípico de todos os 1913 indivíduos avaliados, em que n_k corresponde ao número de indivíduos indicados por família pelo método BLUPIS, conforme demonstrado na Tabela 3.

Para a característica MMC, verificou-se que o número total de indivíduos a ser selecionado foram 207, 412 e 494, para os respectivos números de indivíduos selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Considerando o número total de indivíduos no experimento, estes números equivalem às taxas de seleção de aproximadamente 11, 22 e 26%.

As famílias que contribuíram com clones selecionados via método BLUPIS, foram: 116, 22, 19, 98, 14, 112, 97, 48 e 82. A família 116, por possuir o maior valor de efeito genotípico (0,1942), obteve a indicação dos valores máximos de n_j . Para as famílias com efeito genotípico menor, este número diminuiu progressivamente até a família de efeito

genotípico nulo, quando não é mais recomendada a seleção de indivíduos dentro destas famílias.

Conforme descrito por Resende e Barbosa (2006) o método BLUPIS elimina automaticamente as famílias com efeito genotípico negativo, por estarem abaixo da média geral do experimento. Resende (2004) relata que esta eliminação é coerente devido a baixa probabilidade de se obter indivíduos superiores nestas famílias.

Considerando a seleção via BLUPI observa-se que a maior concentração de indivíduos selecionados foi dentro das famílias com efeitos genotípicos positivos, corroborando com Resende (2004).

Analisando os resultados obtidos para a característica BRIX (Tabela 3) verifica-se que os números de indivíduos a serem selecionados foram de 164, 328 e 395, para os respectivos n_j iguais a 50, 100 e 120, o que equivale-se às taxas de seleção de aproximadamente 9, 17 e 21%, respectivamente. Os valores dos efeitos genotípicos das famílias 33 e 78 foram superiores aos valores das demais famílias. Essa diferença é primordial na determinação do número total de indivíduos a serem selecionados, pois, quanto menor a diferença entre os efeitos genotípicos das famílias avaliadas, maior será o número total de indivíduos selecionados.

Os valores dos efeitos genotípicos de cada família, o número de indivíduos a ser selecionado dentro das melhores famílias, por meio do método BLUPIS e o número de indivíduos selecionados nas melhores famílias por meio do método BLUPI para as características TCH e TBH estão apresentados na Tabela 4.

Observa-se que apenas as famílias 123, 48, 121, 62 e 109 possuíram valores negativos de efeito genotípico para a característica TCH, não contribuindo para a indicação de indivíduos a serem selecionados pelo método BLUPIS. Já para a característica TBH, valores negativos dos efeitos genotípicos foram apresentados pelas famílias 82, 123, 48, 62, 121 e 109.

As taxas de seleção para os números de n_j iguais a 50, 100 e 120, para a característica TCH, foram de aproximadamente 16, 32 e 39%, respectivamente, e para TBH estas taxas foram 19, 38 e 45%, respectivamente. Este aumento exagerado das taxas de seleção para os valores de n_j iguais a 100 e 120 se deve ao fato de que o número de indivíduos selecionados por família decresceu, progressiva e lentamente, de 100 ou 120, para a melhor família, até 0, para a família de efeito genotípico aproximadamente nulo.

Resende e Barbosa (2006) relatam que estes resultados refletem a importância da alocação dinâmica (dependente da diferença relativa entre os efeitos genotípicos das famílias em avaliação) do número de indivíduos selecionados por família, realizada pelo BLUPIS, em detrimento da aceitação a priori de proporções fixas de seleção dentro de famílias, conforme apregoado e praticado na Austrália (Mc Rae et al., 1998; Cox et al., 2000; Kimbeng e Cox, 2003).

Analisando todas as características foi possível observar que as famílias que se destacaram foram: 19, 98 e 112. Contudo, os genitores da família 78 são os mais indicados para a realização de um programa de seleção recorrente visando o acúmulo de alelos favoráveis para as características BRIX e TBH, uma vez que esta família se destacou das demais em relação ao valor dos efeitos genotípicos para estas características.

Nas Tabelas 5 e 6 estão demonstradas as indicações dos números de indivíduos a serem selecionados em cada repetição experimental, para cada valor de n_j , pelo método BLUPIS, sendo esta uma das informações propiciada por este método que é a de utilizar o valor genotípico médio das parcelas experimentais dentro de cada progênie, para a indicação da repetição em que encontram-se os melhores indivíduos de cada família (Resende e Barbosa, 2006). Nestas tabelas também se encontra a distribuição em cada repetição, do número de indivíduos selecionados pelo método BLUPI.

Verifica-se que, para todas as características, o número de genótipos a ser selecionados dentro de cada parcela para cada família tende a ser o mesmo, visto que a distribuição, dentro das parcelas experimentais, dos genótipos de cada família foi feita de forma aleatória.

3.3. Validação do método de seleção BLUPIS

A estratégia ótima de seleção de indivíduos nas fases iniciais do melhoramento de cana-de-açúcar seria através dos valores genotípicos preditos pelo BLUPI (Resende, 2002b) que contemplaria simultaneamente as informações de família e de indivíduo. No entanto, este método não tem sido utilizado no melhoramento da cana-de-açúcar devido às dificuldades práticas em se obter dados de plantas individuais.

O método alternativo de seleção que substituiria a seleção via o BLUPI seria aquele que, por meio da expressão da regressão linear obtida entre os dois métodos, apresentasse o valor do intercepto no eixo do y (β_0) nulo, o coeficiente de regressão linear (β_1) igual à

unidade e o coeficiente de determinação mais próximo de 100%. Isto faz com que os mesmos números de indivíduos selecionados pelo BLUPI sejam selecionados por este método alternativo.

Através das expressões de regressões obtidas e testando as hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ e $h_0: \beta_1 = 1$, foi possível validar o método de seleção de indivíduos dentro de famílias via BLUPIS, bem como indicar qual o melhor valor do número de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j). As análises de regressão, representadas por suas respectivas curvas, se encontram nas Figuras 1 e 2.

Na Figura 1 estão apresentadas as análises de regressão em que foram utilizados os valores do número total de indivíduos indicados (via método BLUPIS) e os selecionados (via método BLUPI) em cada família, conforme Tabelas 3 e 4.

Para a característica MMC, verificou-se uma ótima taxa de concordância entre o BLUPI e o BLUPIS para o valor de n_j igual a 50, uma vez que os valores de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ foram, estatisticamente, iguais a zero e a um, respectivamente. Esta equação apresentou o coeficiente de determinação aproximadamente igual a 91%, validando a eficácia do método BLUPIS (Figura 1a). Com o valor de n_j igual a 50 é possível alcançar 98% da representatividade máxima de uma família de irmãos germanos, conforme resultados apresentados por Vencovsky (1978).

Considerando a característica BRIX (Figura 1b), a expressão de regressão que mais se assemelha à ideal foi a obtida considerando o valor de n_j igual a 120 (Figura 1c) com coeficiente de determinação de aproximadamente 90%. Este número de indivíduos selecionados faz com que 99,17% da representatividade dessa família seja atingida.

Analisando a Figura 1c verifica-se que a melhor expressão de regressão foi obtida utilizando o valor de n_j igual a 100, para a característica TCH, visto que o coeficiente de determinação para essa expressão de regressão foi o maior dentre as expressões analisadas (aproximadamente 77%).

Para a característica TBH (Figura 1d), verifica-se que para todas as expressões de regressão avaliadas os valores de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ foram estatisticamente iguais a zero e a unidade, respectivamente. Contudo, o valor do coeficiente de determinação para a seleção de 100 indivíduos na melhor família foi aproximadamente 77%, fazendo com que este seja o melhor valor de seleção, visto que a seleção de 120 indivíduos na melhor família faz com que o valor do coeficiente de determinação passe para 82% apenas, refletindo na seleção de

142 indivíduos a mais, conforme apresentado na Tabela 4. Neste ponto vale ressaltar que, com um menor número de melhores clones selecionados, ocorre aumento da eficiência do processo seletivo e diminuição dos custos no programa de melhoramento, conforme relatado por Resende e Barbosa (2006).

Na Figura 2 estão apresentadas as análises de regressão em que foram utilizados os valores entre o número de indivíduos indicados (via método BLUPIS) e os selecionados (via método BLUPI) por família em cada repetição experimental para as características avaliadas (Tabelas 5 e 6). Ao analisar as expressões de regressão, verifica-se que os valores absolutos de $\hat{\beta}_1$ não se alteram quando comparados aos valores das expressões de regressões demonstradas na Figura 1. O mesmo não ocorreu para os valores absolutos de $\hat{\beta}_0$ que, apesar de a maioria destes valores serem estatisticamente iguais a zero, foram menores que os da Figura 1. Este fato está relacionado ao grande número de indivíduos não selecionados simultaneamente pelos dois métodos dentro de cada parcela experimental. Verificou-se também que os valores dos coeficientes de determinação foram menores para as análises de regressões lineares da Figura 2 em relação aos apresentados na Figura 1. Contudo, estes valores não influenciaram a validação do método BLUPIS.

Diante destes resultados, conclui-se que a utilização do método BLUPIS para a indicação do número de indivíduos a serem selecionados dentro das melhores famílias foi validado para o estágio de cana-planta. Contudo, os resultados obtidos neste trabalho são pertinentes apenas para este estudo, havendo a necessidade de avaliação de maior número de experimentos para a possível indicação do número ótimo de indivíduos a ser selecionado na melhor família de irmão germano para as características avaliadas.

4. Conclusões

O método BLUPIS é válido para a seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos, no estágio de cana-planta, comparativamente ao método BLUPI, para as características massa média de colmos, teor de sólidos solúveis totais, tonelada de colmos por hectare e tonelada de Brix por hectare.

Os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família e que favorecem a semelhança entre os métodos BLUPIS e BLUPI são: 50 indivíduos para massa média de

colmos, 100 para tonelada de colmos por hectare e tonelada de Brix por hectare, e, 120 para teor de sólidos solúveis totais.

Os resultados obtidos neste trabalho são pertinentes apenas para este estudo; havendo necessidade de avaliação de maior número de experimentos para a possível indicação do número ótimo de indivíduos a ser selecionado na melhor família de irmão germano para cada característica avaliada no estágio de cana-planta.

5. Agradecimentos

Ao CNPq e à FAPEMIG pelo suporte financeiro ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa.

6. Referências Bibliográficas

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.

BASTOS, I.T. Capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). Viçosa: UFV, 2001. 48p. (Dissertação).

BRESSIANI, J.A. Seleção seqüencial em cana-de-açúcar. Piracicaba: USP/ESALQ, 2001. 134p. (Tese).

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.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M. The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, Brisbane, 1993. Proceedings. Brisbane: BSES, 1993. v.10, p.53-54.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Ed.). *Manual of cane growing*. Indooroopilly: BSES, 2000. cap. 5, p.91-108.

CRUZ, C.D. Programa Genes: Versão Windows - Biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006. 381p.

HENDERSON, C.R. Applications of linear models in animal breeding. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

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.

LEITE, M.S.O. Tamanho da amostra para seleção de famílias de cana de açúcar. Viçosa: UFV, 2007. 51p. (Dissertação).

Mc RAE, T.A.; ERQUIAGA, D.L.; JENSEN, L.F.; RATTEY, A.R.; STRINGER, J.K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: PROCEEDINGS OF THE

- AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, Brisbane, 1998. Proceedings. Brisbane: ISSCT, 1998. p.196-203.
- OLIVEIRA, R.A. Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP. Curitiba: UFPR, 2007. 127p. (Tese).
- RESENDE, M.D.V. Software Selegen–REML/BLUP. Curitiba: Embrapa Floresta, 2002a. 67p. (Documentos 77).
- RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002b. 975p.
- RESENDE, M.D.V. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65p. (Documentos 100).
- RESENDE, M. D. V. Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561p.
- RESENDE, M. D. V. Selegen-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 359p.
- RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.41, p.421-429, 2006.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical, v.37, p.182-194, 2007.
- VENCOVSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. Brazilian Journal of Genetics, v.1, p.181-191, 1978.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.) Melhoramento e produção de milho. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap. 5, p.137-214.

Tabela 1. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH), de 17 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar no estágio de cana-planta, via modelo 20 do programa computacional em genética e estatística Selegen-Reml/Blup (Resende 2002a). Oratórios, MG, 2005.

Parâmetros ¹	MMCp (kg)	BRIXp (%)	TCHp (t ha ⁻¹)	TBHp (t ha ⁻¹)
σ_g^2	0,0183	0,1600	89,6119	3,3889
σ_e^2	0,0155	0,5592	168,0026	6,8571
σ_f^2	0,0338	0,7192	257,6145	10,2460
\hat{h}_g^2	0,5421 ± 0,2062	0,2225 ± 0,1321	0,3479 ± 0,1652	0,3308 ± 0,1611
\hat{h}_{mf}^2	0,8766	0,6319	0,7619	0,7478
Ac _{fam}	0,9363	0,7949	0,8729	0,8648
CV _{gi} (%)	17,5132	2,0684	14,6042	14,6920
CV _e (%)	16,0965	3,8670	19,9964	20,8989
CV _r	1,0880	0,5349	0,7303	0,7030
Média Geral	0,7734	19,3384	64,8195	12,5299

¹ Variância genotípica (σ_g^2); variância residual (σ_e^2); variância fenotípica individual (σ_f^2); herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (\hat{h}_g^2); herdabilidade da média de família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2); acurácia da seleção de famílias (Ac_{fam}); coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}%); coeficiente de variação ambiental (CV_e%); e coeficiente de variação relativa (CV_r).

Tabela 2. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH), de 17 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar no estágio de cana-planta, via modelo 147 do programa computacional em genética e estatística Selegen-Reml/Blup (Resende 2002a). Oratórios, MG, 2005.

Parâmetros ¹	MMC (kg)	BRIX (%)	TCH (t ha ⁻¹)	TBH (t ha ⁻¹)
σ_g^2	0,0197	0,1379	118,5195	4,3335
σ_{parc}^2	0,0041	0,3032	23,3304	1,3357
σ_{dentro}^2	0,1721	3,1712	2410,5560	89,3118
σ_f^2	0,1959	3,6122	2552,4058	94,9811
\hat{h}_a^2	0,2013 ± 0,0410	0,0763 ± 0,0253	0,0929 ± 0,0279	0,0912 ± 0,0276
Média Geral	0,7778	19,3002	66,5601	12,8446

¹ Variância genotípica entre progênies de irmãos germanos (σ_g^2); variância ambiental entre parcelas (σ_{parc}^2); variância residual dentro de parcela (σ_{dentro}^2); variância fenotípica individual (σ_f^2) e herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2).

Tabela 3. Valores dos efeitos genotípicos (\hat{g}_j), do número de indivíduos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPIS e número de indivíduos selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI), para as características massa média de colmos (MMC) e sólidos solúveis totais (BRIS), considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2005.

Família	\hat{g}_j	$(n_j = 50)$		$(n_j = 100)$		$(n_j = 120)$	
		BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI
MMC							
116	0,1942	50	68	100	93	120	105
22	0,1606	41	35	83	62	99	76
19	0,1387	36	28	71	55	86	66
98	0,1212	31	31	62	53	75	64
14	0,0876	23	30	45	65	54	75
112	0,0452	12	4	23	36	28	46
97	0,0379	10	7	20	26	23	33
48	0,0087	2	3	4	5	5	7
82	0,0072	2	0	4	5	4	5
33	-0,0118	0	0	0	1	0	1
78	-0,0147	0	1	0	4	0	5
76	-0,0293	0	0	0	3	0	4
44	-0,0308	0	0	0	2	0	4
123	-0,0834	0	0	0	2	0	3
121	-0,1696	0	0	0	0	0	0
62	-0,1856	0	0	0	0	0	0
109	-0,2762	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		207	207	412	412	494	494
$r_{BLUPIS,BLUPI}^*$		0,96		0,96		0,96	
BRIS							
33	0,6339	50	69	100	113	120	113
78	0,5802	46	91	92	110	110	110
112	0,3517	28	4	55	97	67	110
98	0,1516	12	0	24	0	29	7
62	0,1263	10	0	20	0	24	0
19	0,1168	9	0	18	2	22	24
121	0,1021	8	0	16	6	19	20
109	0,0189	1	0	3	0	4	1
97	-0,0306	0	0	0	0	0	6
44	-0,039	0	0	0	0	0	4
22	-0,0706	0	0	0	0	0	0
76	-0,177	0	0	0	0	0	0
14	-0,2644	0	0	0	0	0	0
116	-0,3202	0	0	0	0	0	0
48	-0,3318	0	0	0	0	0	0
123	-0,3487	0	0	0	0	0	0
82	-0,4993	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		164	164	328	328	395	395
$r_{BLUPIS,BLUPI}$		0,89		0,95		0,95	

* Coeficiente de correlação entre os número de indivíduos a serem selecionados pelo método BLUPIS e o número de indivíduos selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI) para cada valor de n_j .

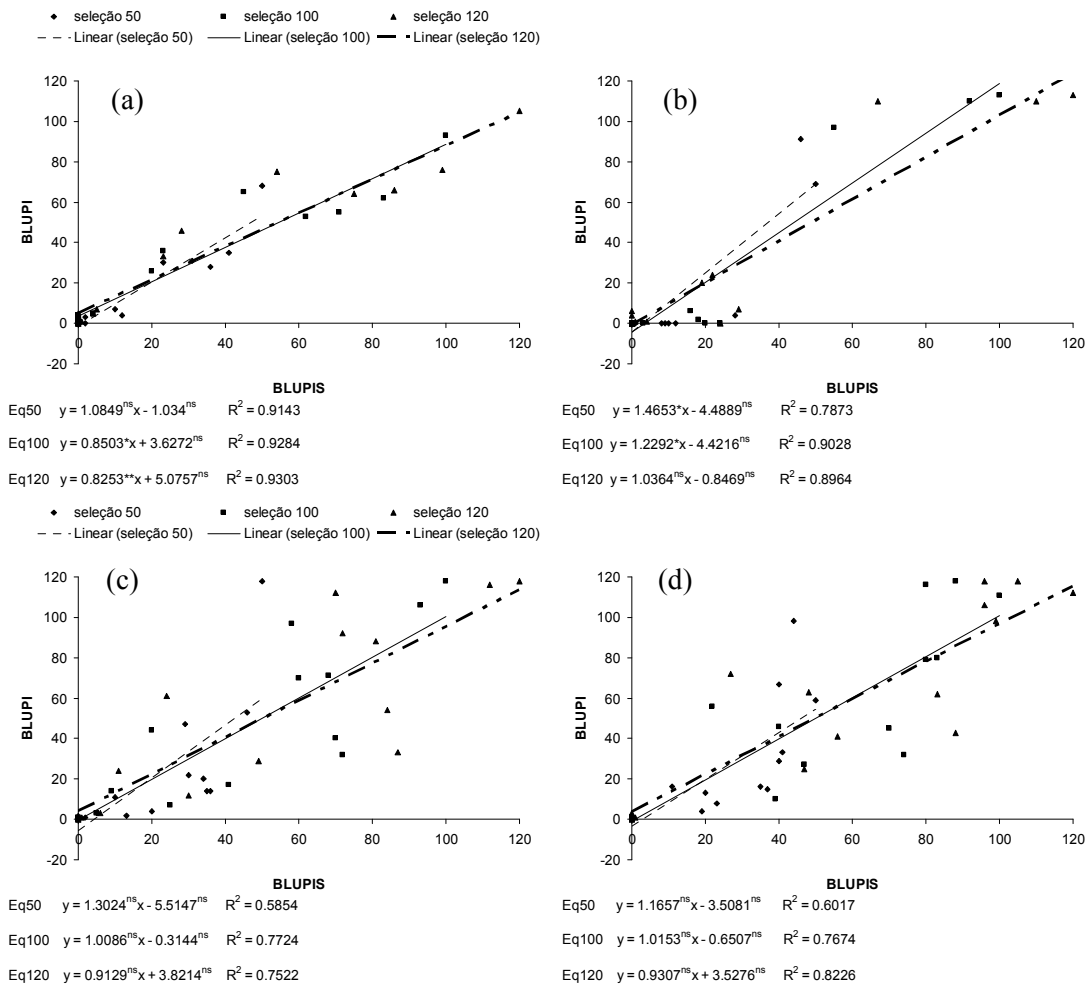
Tabela 4. Valores dos efeitos genotípicos (\hat{g}_j), do número de indivíduos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPIS e número de indivíduos selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI), para as características tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRUX por hectare (TBH), considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, 2005.

Família	\hat{g}_j	$(n_j = 50)$		$(n_j = 100)$		$(n_j = 120)$	
		BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI
TCH							
14	8,5174	50	118	100	118	120	118
116	7,9205	46	53	93	106	112	116
44	6,1681	36	14	72	32	87	33
76	5,9561	35	14	70	40	84	54
98	5,7630	34	20	68	71	81	88
78	5,1192	30	22	60	70	72	92
112	4,9516	29	47	58	97	70	112
22	3,4811	20	4	41	17	49	29
19	2,1515	13	2	25	7	30	12
97	1,6956	10	11	20	44	24	61
33	0,8055	5	3	9	14	11	24
82	0,4169	2	1	5	3	6	3
123	-4,1699	0	0	0	1	0	2
48	-5,6315	0	1	0	1	0	1
121	-9,7332	0	0	0	0	0	1
62	-10,4913	0	0	0	0	0	0
109	-22,9207	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		310	310	621	621	746	746
$r_{BLUPIS,BLUPI}^*$		0,77		0,88		0,87	
TBH							
78	1,4720	50	59	100	111	120	112
14	1,2925	44	98	88	118	105	118
116	1,2153	41	33	83	80	99	98
98	1,1828	40	29	80	79	96	106
112	1,1828	40	67	80	116	96	118
44	1,0831	37	15	74	32	88	43
76	1,0233	35	16	70	45	83	62
22	0,6856	23	8	47	27	56	41
33	0,5921	20	13	40	46	48	63
19	0,5721	19	4	39	10	47	25
97	0,3279	11	16	22	56	27	72
82	-0,1694	0	1	0	1	0	3
123	-1,0531	0	0	0	0	0	1
48	-1,3098	0	1	0	1	0	1
62	-1,8196	0	0	0	0	0	0
121	-1,8956	0	0	0	1	0	2
109	-4,3821	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		360	360	723	723	865	865
$r_{BLUPIS,BLUPI}$		0,78		0,88		0,91	

* Coeficiente de correlação entre os número de indivíduos a serem selecionados pelo método BLUPIS e o número de indivíduos selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI) para cada valor de n_j .

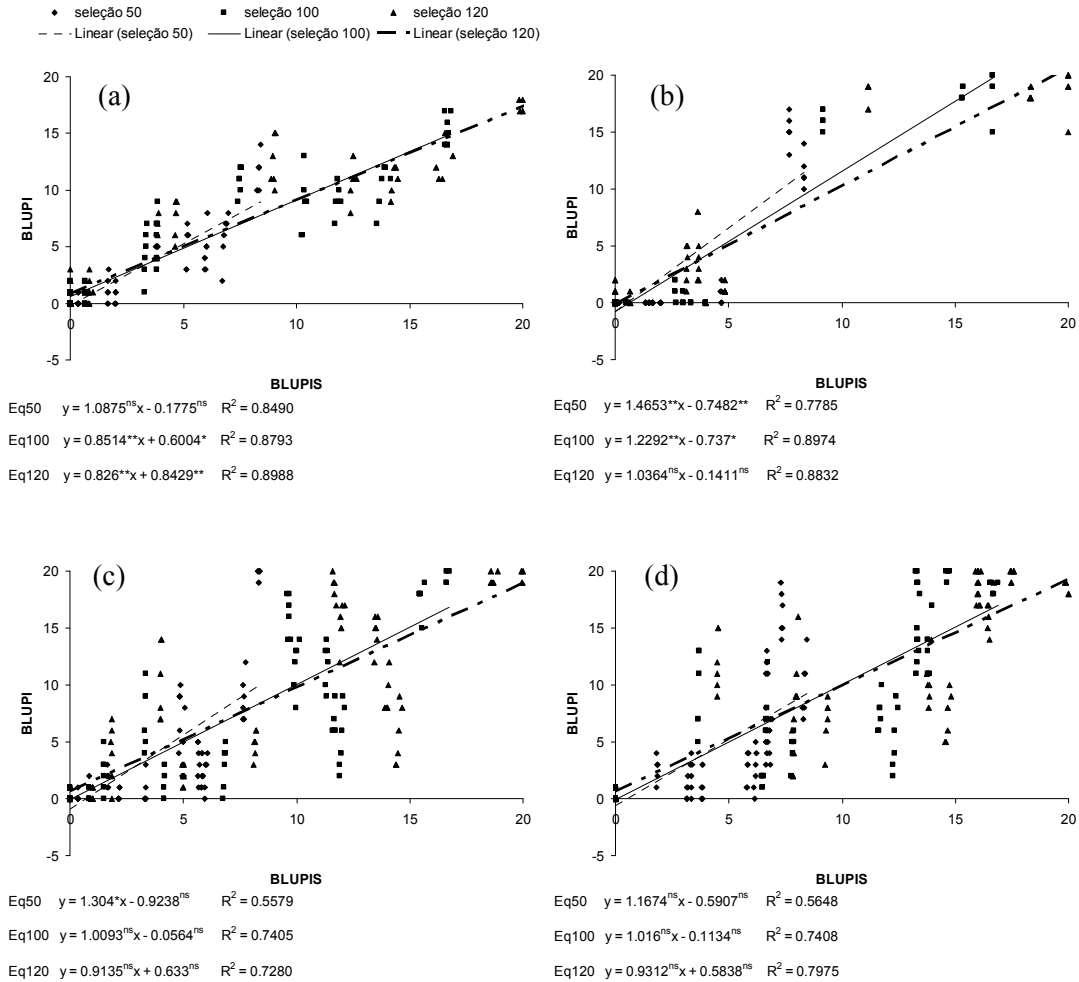
Tabela 5. Distribuição do número de indivíduos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPIS e de selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI) dentro das repetições, para as características massa média de colmos (MMC) e sólidos solúveis totais (BRIX), para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2005.

Famílias	$(n_j = 50)$																		$(n_j = 100)$																		$(n_j = 120)$																							
	BLUPIS (n_k)						BLUPI						BLUPIS (n_k)						BLUPI						BLUPIS (n_k)						BLUPI																													
	Repetição						Repetição						Repetição						Repetição						Repetição						Repetição																													
	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6												
116	8	8	8	8	8	8	12	14	10	12	10	10	17	17	17	17	17	17	16	17	17	15	14	14	20	20	20	20	20	20	18	19	17	16	17	16	18	19	17	16	17	16	18	19	17	16	17	16												
22	7	7	7	7	7	7	7	2	8	5	7	6	14	14	14	14	14	14	12	7	11	9	12	11	17	16	17	16	17	16	15	12	13	11	14	11	15	12	13	11	14	11	15	12	13	11	14	11	15	12	13	11	14	11						
19	6	6	6	6	6	6	4	3	5	8	5	3	12	12	12	12	12	12	9	11	10	9	9	7	14	14	14	14	14	14	10	12	12	11	12	9	10	12	12	11	12	9	10	12	12	11	12	9	10	12	12	11	12	9						
98	5	5	5	5	5	5	6	6	7	6	3	3	10	10	10	10	10	10	9	10	13	9	6	6	13	13	13	13	12	12	11	11	13	11	10	8	11	11	13	11	10	8	11	11	13	11	10	8	11	11	13	11	10	8	11	11	13	11	10	8
14	4	4	4	4	4	4	5	5	5	6	5	4	8	8	7	7	7	8	12	10	9	11	11	12	9	9	9	9	9	9	15	10	11	11	13	15	15	10	11	11	13	15	15	10	11	11	13	15	15	10	11	11	13	15	15	10	11	11	13	15
112	2	2	2	2	2	2	1	0	0	2	1	0	4	4	4	4	4	4	9	7	4	6	7	3	5	5	5	5	5	5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
97	2	2	2	2	2	2	2	1	1	0	0	3	3	3	3	3	3	3	4	1	3	6	5	7	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4						
48	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	2	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1						
82	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1						
33	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0						
78	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0						
76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
62	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0						
	----- BRIX -----																																																											
33	8	8	8	8	8	8	14	11	11	10	11	12	17	17	17	17	17	17	20	20	15	20	19	19	20	20	20	20	20	20	20	20	15	20	19	19	20	20	15	20	19	19	20	20	15	20	19	19												
78	8	8	8	8	8	8	15	15	16	13	17	15	15	15	15	15	15	15	19	19	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18												
112	5	5	5	5	5	5	0	1	2	0	0	1	9	9	9	9	9	9	17	15	16	17	16	16	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11												
98	2	2	2	2	2	2	0	0	0	0	0	0	4	4	4	4	4	4	0	0	0	0	0	0	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5																		
62	2	2	2	2	2	2	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	3	3	0	0	0	0	0	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4																		
19	2	1	2	1	2	2	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	3	3	1	0	0	1	0	1	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4																	
121	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	3	3	3	3	3	3	0	1	1	2	0	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3																		
109	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																		
97	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
123	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		
82	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0																		



** , * , ^{ns} Significativos a 1 e 5% e não significativo pelo teste t, respectivamente, para as hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ e $h_0: \beta_1 = 1$.

Figura 1. Comparação entre as metodologias BLUPIS e BLUPI para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família iguais a 50, 100 e 120, considerando o número total de indivíduos selecionados em cada família para as características: (a) massa média de colmos (MMC); (b) sólidos solúveis totais (BRIX); (c) tonelada de colmos por hectare (TCH); (d) toneladas de BRIX por hectare (TBH). Oratórios, MG, 2005.



** , * , ^{ns} Significativos a 1 e 5% e não significativo pelo teste t, respectivamente, para as hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ e $h_0: \beta_1 = 1$.

Figura 2. Comparação entre as metologias BLUPIS e BLUPI para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família iguais a 50, 100 e 120, considerando número de indivíduos selecionados por família em cada repetição experimental para as características: (a) massa média de colmos (MMC); (b) sólidos solúveis totais (BRIX); (c) tonelada de colmos por hectare (TCH); (d) toneladas de BRIX por hectare (TBH). Oratórios, MG, 2005.

ARTIGO CIENTÍFICO 2

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO VIA BLUP INDIVIDUAL SIMULADO DENTRO DE
FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTÁGIO DE CANA-SOCA

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

RESUMO

SILVA, Felipe Lopes, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2009.
Eficiência da seleção via BLUP individual simulado dentro de famílias de cana-de-açúcar no estágio de cana-soca. Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-orientadores: Luiz Alexandre Peternelli e Marcos Deon Vilela de Resende.

O objetivo do estudo foi o de avaliar a eficiência do método BLUPIS na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar no estágio de cana-soca, através da comparação com a seleção utilizando o método BLUPI. Paralelamente, foi estabelecido o número ótimo de genótipos a serem selecionados na melhor família para quatro características avaliadas. Foram avaliadas dezessete famílias de irmãos germanos no Centro de Experimentação em Cana-de-açúcar (CECA), localizado em Oratórios, MG, no estágio de cana-soca. As variáveis utilizadas para a validação do método BLUPIS foram massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH). As equações de modelo misto foram utilizadas para calcular os valores genéticos de cada família e os valores genéticos de cada indivíduo dentro de família (BLUPI). O método BLUPIS, foi eficiente na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, quando comparado à seleção realizada utilizando os valores genotípicos individuais preditos via BLUPI, para as características avaliadas. O número ótimo de genótipos a serem selecionados na melhor família obtendo a maior eficiência do método BLUPIS foi 100. Contudo, os resultados obtidos são pertinentes apenas a este trabalho havendo necessidade da avaliação de maior número de experimentos para a possível generalização do número ótimo de genótipos a ser selecionado na melhor família de irmão germano para as características avaliadas no estágio de cana-soca em cana-de-açúcar.

Termos de indexação: *Saccharum* spp., BLUPIS, estratégias de seleção, modelos mistos, melhoramento genético da cana-de-açúcar.

ABSTRACT

SILVA, Felipe Lopes, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, November, 2009. **Efficiency of selection via simulated individual BLUP within sugarcane families in the ratoon stage.** Adviser: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-Advisers: Luiz Alexandre Peternelli and Marcos Deon Vilela de Resende.

The objective of this study was to assess the efficiency of BLUPIS method in selecting genotypes within families of full sibs of sugarcane in the ratoon stage, through comparison with selection using the BLUPI method. In parallel, the optimal number of genotypes to be selected in the best family will be established for four assessed characteristics. Seventeen full sibs families were assessed in the Center for Experimentation in Sugarcane (CECA), located in Oratórios, MG, Brazil, in the ratoon stage. Variables used for validation of the BLUPIS method were mean stems mass (MMC), total soluble solids assay (BRIX), ton of stems per hectare (TCH) and BRIX tons per hectare (TBH). Mixed model equations were used to estimate the genetic values of each family and genetic values of each individual within the family (BLUPI). BLUPIS method was efficient in genotypes selection within full sibs families of sugarcane in the ratoon stage when compared to the selection performed by individual genotypic values foreseen via BLUPI for the assessed characteristics. The optimal number of genotypes to be selected in the best family by obtaining the higher efficiency of BLUPIS method was 100. However, the obtained results are relevant only for this work, being necessary to assess a larger number of experiments for possible generalization of the optimal number of genotypes to be selected in the best full sib family for the characteristics assessed in the ratoon stage in sugarcane.

Indexation terms: *Saccharum* spp., BLUPIS, selection strategies, mixed models, sugarcane breeding.

1. Introdução

Em cana-de-açúcar, a seleção de indivíduos nas fases iniciais do melhoramento tem sido baseada nos métodos da seleção massal (Matsuoka et al., 1999; Mariotti et al., 1999), seleção seqüencial (entre famílias seguida por seleção massal) australiana (Mc Rae et al., 1998; Cox et al., 2000; Kimbeng e Cox, 2003) e seleção seqüencial modificada (Bressiani, 2001). Os dois últimos métodos utilizam a informação de família para seleção e, portanto, são superiores em relação à seleção massal para os caracteres que apresentam herdabilidade baseada nas médias de famílias maior do que a herdabilidade ao nível de plantas individuais.

Resende (2002b) relatou que uma estratégia ótima de seleção seria através dos valores genotípicos preditos pelo BLUP individual (BLUPI) que contemplaria simultaneamente as informações de família e de indivíduo para seleção. No entanto, este método não tem sido utilizado no melhoramento da cana-de-açúcar devido às dificuldades práticas em se obter dados de plantas individuais conforme relatado a seguir.

Um método prático que se assemelha ao BLUPI foi proposto por Resende e Barbosa (2006). Este método de seleção, denominado BLUP individual simulado (BLUPIS), visa promover uma alocação dinâmica do número de indivíduos selecionados por família, tomando por base o BLUP para os efeitos genotípicos das referidas famílias. Ainda de acordo com os autores, ao se utilizar o valor genotípico médio das parcelas experimentais dentro de cada progênie, o método BLUPIS indica em qual repetição encontram-se os melhores indivíduos de cada família.

Diante disto, o objetivo do estudo foi o de avaliar a eficiência do método BLUPIS na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar no estágio de cana-soca, através da comparação com a seleção utilizando o método BLUPI. Paralelamente, foi estabelecido o número ótimo de genótipos a serem selecionados na melhor família para quatro características avaliadas.

2. Material e Métodos

2.1. Detalhes experimentais

Foram avaliadas dezessete famílias de irmãos germanos. Os cruzamentos foram realizados em 2003 na Estação de Floração e Cruzamentos, a qual se localiza na Serra do Ouro, no município de Murici - AL, situada à latitude 9°13'S, longitude 35°50' W e a 450-500 m de altitude.

As plântulas obtidas de cada família foram transplantadas, conforme metodologia descrita por Barbosa e Silveira (2000), em março de 2004, no Centro de Experimentação em Cana-de-açúcar (CECA), localizado em Oratórios - MG (latitude 20°25' S, longitude 42°48' W e 494 m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Viçosa.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com seis repetições. Cada parcela experimental foi constituída por dois sulcos espaçados de 1,40 m, sendo cada sulco composto por dez plantas equidistantes a 0,5 m, totalizando 120 genótipos avaliados por família. Em todas as famílias ocorreram mortes de genótipos. Assim, o número total de genótipos avaliados foi 1637. A adubação do experimento foi realizada de acordo com aquela recomendada para a cultura (Korndörfer et al., 1999).

As características utilizadas para avaliar a eficiência do método de seleção BLUPIS foram: massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH), avaliadas em abril de 2006, no estágio de cana-soca.

As características avaliadas a nível de indivíduo dentro de parcela foram: altura média de colmo (AC) em cm, diâmetro médio de colmo (DC) em cm, número de colmos de cada genótipo (NC) e sólidos solúveis totais (BRIX). A avaliação a nível de indivíduo foi necessária para que os valores genéticos de cada genótipo (BLUPI) fossem estimados, proporcionando a seleção dos melhores, bem como a comparação com a seleção recomendada pelo método BLUPIS.

Utilizando as características avaliadas foi possível estimar a variável MMC, expressa em kg, através do estimador proposto por Chang e Milligan (1992). Este

estimador é definido por: $MMC = d \times \pi \times AC \times \left(\frac{DC}{2}\right)^2 \times \frac{1}{1000}$, em que, d é a densidade

específica do colmo cujo valor é $1,0 \text{ g cm}^{-3}$ e π é expresso pelo valor adimensional aproximado 3,141593.

A obtenção da característica TCH de cada indivíduo foi obtida através do estimador:

$$\text{TCH} = \text{MMC} \times \text{NC} \times \frac{10}{t_{\text{au}}}, \text{ em que } t_{\text{au}} \text{ é o tamanho da área útil que cada indivíduo explora}$$

expressa em m^2 . Neste trabalho o valor de t_{au} foi de $0,7 \text{ m}^2$.

Para a característica TBH, multiplicou-se o valor de TCH de cada indivíduo pelo valor correspondente de BRIX.

As informações a nível de parcela, necessárias para a aplicação da metodologia BLUPIS, foram obtidas através da amostragem de 14 indivíduos aleatórios de cada parcela por família. Este número de indivíduos foi adotado em decorrência do número total de indivíduos por família ter sido baixo devido à alta taxa de mortalidade nas parcelas experimentais. Assim, através das médias das variáveis avaliadas nestes indivíduos (AC, DC, NC e BRIX) foi possível estimar os valores em nível de parcela das características MMC, BRIX, TCH e TBH, conforme estimadores descritos anteriormente.

2.2. Procedimentos de análise dos dados

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional em genética e estatística Selegen-Reml/Blup (Resende 2002a).

As equações de modelo misto (Resende 2002b) foram utilizadas para calcular os efeitos genotípicos de cada família e os efeitos genotípicos de cada indivíduo dentro de família, utilizando para isto os modelos estatísticos 20 e 147 do Selegen-Reml/Blup, respectivamente (Resende, 2007b).

O modelo estatístico 20 é denotado por $y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos de família (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Este modelo é necessário para a estimação dos efeitos genotípicos de cada família que são imprescindíveis para a utilização do método de seleção BLUPIS.

O modelo estatístico 147 é denotado por $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média

geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Através deste modelo é realizada a seleção via valores genotípicos preditos pelo BLUPI.

Os componentes de variância foram obtidos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML e utilizados para computar as estimativas de herdabilidade individual e ao nível de médias de famílias de irmãos germanos, bem como para predição BLUP.

2.3. Metodo de seleção BLUP individual simulado (BLUPIS)

O método BLUPIS foi descrito por Resende e Barbosa (2006) e consiste em determinar de forma dinâmica o número de indivíduos a serem selecionados em cada família, sem que haja avaliação individual destes.

A expressão que determina o número n_k de indivíduos a serem selecionados em cada família k é dado por: $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) n_j$, em que: \hat{g}_j refere-se ao efeito genotípico da melhor família; \hat{g}_k refere-se ao efeito genotípico da k -ésima família; e, n_j equivale ao número de indivíduos selecionados na melhor família. Neste trabalho, optou-se por utilizar os valores de 50, 100 e 120 indivíduos selecionados na melhor família e em cada característica, com o intuito de obter a melhor performance do método BLUPIS em comparação ao BLUPI.

O método BLUPIS elimina automaticamente as famílias com efeito genotípico negativo, ou seja, aquelas abaixo da média geral do experimento. Isto é razoável quando se considera a baixíssima probabilidade de se obter um clone superior nestas famílias (Resende e Barbosa, 2006).

Para a obtenção do número de indivíduos a ser selecionado em cada parcela r para cada família, foi utilizada a expressão: $r = \frac{(u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})}{\sum (u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})} \times n_k$, em que: \hat{g}_{parc_r} é o efeito genotípico de cada parcela de cada família; u é a média geral de cada característica; e, $\sum (u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})$ refere-se ao somatório dos valores genotípicos $(u + \hat{g}_k + \hat{g}_{parc_r})$ de todas as parcelas da família k .

2.4. Comparação entre BLUPIS e BLUPI

Para comparação entre os métodos foram utilizadas análises de regressão linear segundo o modelo: $y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + e_i$, em que, y é o número de genótipos selecionados pelo método BLUPI na i -ésima família, x é o número de genótipos indicados para seleção pelo método alternativo na i -ésima família, β_0 é a constante de regressão, β_1 é o coeficiente de regressão linear e e_i é o erro aleatório associado à regressão linear. Para a realização das análises de regressão foi utilizado o programa GENES (Cruz, 2006).

Através destas análises de regressão é possível verificar a eficiência do método de seleção BLUPIS quando comparado à seleção realizada pelo método BLUPI, bem como verificar qual o número ótimo de genótipos a ser selecionado na melhor família de cana-de-açúcar para cada característica avaliada. Para isto as análises de regressão foram realizadas para cada característica avaliada e considerando os valores dos números de genótipos a serem selecionados na melhor família iguais a 50, 100 e 120.

3. Resultados e Discussão

3.1. Caracterização da população

Na Tabela 1 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos das características avaliadas, conforme modelo estatístico 20 do Selegen (Resende, 2002a). Os valores dos coeficientes de variação residual (CVe) apresentados para as características MMC, TCH e TBH foram de altas magnitudes. Valores semelhantes para as características MMC e TCH foram encontrados por Barbosa et al. (2005). Já para a característica BRIX o valor de CVe foi de baixa magnitude, sugerindo alta precisão experimental para esta característica.

Os valores de CVe não informam sobre a acurácia seletiva da avaliação e, conseqüentemente, não consideram o nível de variação genotípica e o número de repetições, mostrando ser um parâmetro inadequado para avaliar a qualidade de experimentos (Resende e Duarte, 2007).

Resende (2002b) relata que um parâmetro adequado para avaliar a qualidade dos experimentos pode ser sumarizado em termos de uma única estatística, a qual contempla, simultaneamente, o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípica. Este mesmo autor descreve que o valor F (de Snedecor),

que é o valor da razão das variâncias para os efeitos de tratamentos (genótipos) e residual, associada à análise de variância, contempla os três parâmetros mencionados, estando diretamente associado à acurácia seletiva. A acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos, sendo importante parâmetro para a prática da seleção genotípica.

Considerando os valores de acurácia seletiva (Acfam) (Tabela 1), verifica-se que estes foram considerados altos para as características avaliadas, de acordo com valores sugeridos por Resende e Duarte (2007).

As estimativas da herdabilidade da média de família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2) apresentaram valores de altas magnitudes, visto às altas estimativas de acurácia seletiva, favorecendo os processos de seleção de famílias e de genótipos promissores dentro das mesmas.

Na Tabela 2 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variância e de alguns parâmetros genéticos das características avaliadas, conforme modelo estatístico 147. Analisando as herdabilidades individuais no sentido restrito (\hat{h}_a^2) verifica-se que, para as características avaliadas, estes valores foram de baixas magnitudes, sendo que os referidos erros padrões foram de pequenas magnitudes, indicando que estas herdabilidades são estatisticamente diferentes de zero. Estas significâncias foram confirmadas por meio de análises de deviance, conforme Resende (2007a).

3.2. Seleção via métodos BLUPIS e BLUPI

Nas Tabelas 3 e 4 estão apresentados os valores dos efeitos genotípicos de cada família, o número de indivíduos a serem selecionados dentro das melhores famílias, por meio do método de seleção BLUPIS e o número de indivíduos selecionados nas melhores famílias via BLUPI, para as características avaliadas. A seleção dos indivíduos via procedimento BLUPI se deu a partir do ranking do valor genotípico de todos os 1637 indivíduos avaliados, selecionando-se o mesmo número de genótipos indicados para a seleção via método BLUPIS.

Na Tabela 3 verificou-se que, para a característica MMC, considerando o número total de genótipos selecionados, as taxas de seleção foram de, aproximadamente, 13, 27 e

32% para os respectivos números de n_j iguais a 50, 100 e 120. Já para a característica BRIX as taxas foram 16, 32 e 39%, respectivamente.

Os valores dos efeitos genotípicos de cada família, o número de indivíduos a serem selecionados dentro das melhores famílias, por meio do procedimento BLUPIS e o número de indivíduos selecionados nas melhores famílias por meio do procedimento BLUPI para as características TCH e TBH estão apresentados na Tabela 4.

Observa-se que, para ambas as características, as famílias 14, 19, 48, 82, 98, 109 e 112 possuíram valores negativos do efeito genotípico, não contribuindo para a indicação de genótipos a serem selecionados pela metodologia BLUPIS. Resende (2004) relata que a não seleção de genótipos dentro destas famílias com efeitos genotípicos negativos é coerente devido a baixa probabilidade de se obter indivíduos superiores nestas famílias.

As taxas de seleção para os números de n_j iguais a 50, 100 e 120, para a característica TCH, foram de aproximadamente 16, 32 e 39%, respectivamente, e para TBH estas taxas foram 19, 38 e 45%.

Este aumento exagerado das taxas de seleção para os valores de n_j iguais a 100 e 120 se deve ao fato de que o número de indivíduos selecionados por família decresceu progressiva e lentamente de 100 ou 120 para a melhor família até 0 para a família de efeito genético nulo. Resende e Barbosa (2006) relatam que estes resultados refletem a importância do procedimento BLUPIS de alocação dinâmica (dependente da diferença relativa entre os efeitos genotípicos das famílias em avaliação) do número de indivíduos selecionados por família, em detrimento da aceitação a priori de proporções fixas de seleção dentro de famílias, conforme apregoado e praticado na Austrália (Mc Rae et al., 1998; Cox et al., 2000; Kimbeng e Cox, 2003).

Analisando as características TCH e TBH, a família 44, por se destacar das demais em relação ao valor dos efeitos genotípicos, obteve a indicação dos valores máximos de número de indivíduos selecionados (n_k). Este fato evidencia a indicação dos genitores, envolvidos neste cruzamento, para a realização de um programa de seleção recorrente visando o acúmulo de alelos favoráveis para estas características.

Para ilustrar uma das informações propiciadas pelo método de seleção BLUPIS, que é a de utilizar o valor genotípico médio das parcelas experimentais dentro de cada família, para a indicação da repetição em que se encontram os melhores indivíduos de cada família (Resende e Barbosa, 2006), apresentou-se, para a característica MMC, a distribuição dos

números de indivíduos a serem selecionados em cada família, via método BLUPIS e BLUPI, dentro de cada repetição experimental e para cada valor de n_j , conforme Tabela 5. Para as demais características esta distribuição foi realizada da mesma forma, considerando os valores genotípicos médios das parcelas experimentais dentro de cada família (dados não apresentados).

3.3. Eficiência do método de seleção BLUPIS

A estratégia ótima de seleção de indivíduos nas fases iniciais do melhoramento de cana-de-açúcar seria através dos valores genotípicos preditos pelo BLUPI (Resende, 2002b). No entanto, este método não tem sido utilizado no melhoramento da cana-de-açúcar devido às dificuldades práticas em se obter dados de plantas individuais.

O método alternativo de seleção que substituiria a seleção via BLUPI seria aquele que, por meio da expressão da regressão linear $y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + e_i$, em que, y_i é o número de genótipos selecionados pelo método BLUPI na i -ésima família, x_i é o número de genótipos indicados para seleção pelo método alternativo na i -ésima família, β_0 é a constante de regressão, β_1 é o coeficiente de regressão linear e e_i é o erro aleatório associado à regressão linear, apresentasse o valor do intercepto no eixo do y (β_0) nulo, o coeficiente de regressão linear (β_1) igual à unidade e o coeficiente de determinação de 100%. Isto faz com que os mesmos números de indivíduos selecionados pelo BLUPI sejam selecionados por este método alternativo.

Através das expressões de regressões obtidas e testando $\hat{\beta}_0$ igual a zero e $\hat{\beta}_1$ igual a 1, foi possível avaliar a eficiência do método de seleção de indivíduos dentro de famílias via BLUPIS, bem como indicar qual o melhor valor do número de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j), conforme apresentado nas Tabelas 6 e 7.

Na Tabela 6 estão apresentadas os valores das estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$) e do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), dos p -valores associados às hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ (p -valor 0) e $h_0: \beta_1 = 1$ (p -valor 1), e dos coeficientes de determinação (R^2), associados às análises de regressão entre o número total de genótipos selecionados em cada família através do valor genotípico individual via BLUPI e o número total de genótipos a

serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120.

Analisando os valores das estimativas de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ verifica-se que, exceto para as características TCH e TBH considerando o valor de n_j igual a 50, em que os valores de $\hat{\beta}_1$ foram estatisticamente diferentes da unidade, em todas as equações houve ótima taxa de concordância entre os métodos de seleção via BLUPI e BLUPIS, conforme p-valores estimados. Isto faz com que o método BLUPIS seja indicado para a seleção de genótipos em culturas cuja a avaliação de plantas individuais é operacionalmente inviável, como é o caso da cana-de-açúcar.

Analisando os valores do coeficiente de regressão, principalmente para as características MMC e BRIX, é possível afirmar que, para o conjunto de dados analisados neste trabalho, a seleção de 100 genótipos na melhor família para as características avaliadas favoreceu a melhor eficiência do método de seleção BLUPIS em comparação à seleção via os valores preditos pelo BLUPI. Já para as características TCH e TBH, devido os valores de $\hat{\beta}_1$ terem sido estatisticamente diferentes da unidade para o valor de n_j igual a 50, conforme estimativa do p-valor 1, a maior eficiência do método de seleção BLUPIS se deu para o valor de n_j igual a 100.

Na Tabela 7 estão apresentados os valores das estimativas de $\hat{\beta}_0$, $\hat{\beta}_1$, dos p-valores e de R^2 , associados às análises de regressão entre as distribuições dentro de cada repetição do número de genótipos selecionados em cada família através do valor genotípico individual via BLUPI e do número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS. Estas análises de regressão foram obtidas utilizando os valores da Tabela 5, para a característica MMC, bem como para as demais (valores não apresentados).

Observa-se que os valores absolutos de $\hat{\beta}_1$ não se alteraram quando comparados aos valores obtidos nas análises de regressões demonstradas na Tabela 6. Já os valores absolutos de $\hat{\beta}_0$ foram mais próximos de zero, comparados aos resultados da Tabela 6. Este fato está relacionado ao grande número de parcelas experimentais que não possuem genótipos selecionados simultaneamente pelos dois métodos de seleção abordados neste trabalho. Tal fato pode ser observado para a característica MMC na Tabela 5.

Os resultados de $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$, bem como os respectivos valores de p-valor para as hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ e $h_0: \beta_1 = 1$, evidenciam a utilização de n_j igual a 100 para todas as características avaliadas, fazendo com que, para o estágio de cana-soca, este seja considerado o número ótimo de genótipos selecionados na melhor família, que favoreceu a maior eficiência na utilização do método BLUPIS no processo seletivo em substituição ao método via BLUPI.

Conforme resultados apresentados por Vencovsky (1978), com o valor de n_j igual a 100 é possível alcançar 99% da representatividade máxima de uma família de irmãos germanos. Já para o valor de n_j igual a 50 esta representatividade seria de 98%. Resende e Barbosa (2006) relataram que, aumentar a amostragem dentro de família a partir de n_j igual a 50 quase nada contribui para acrescentar genótipos diferentes na amostra. Isto significa que são acrescentados muitos genótipos médios e poucos extremos (incluindo aqui genótipos superiores) quando se aumenta a amostra a partir deste valor de n_j . Assim, estes autores, afirmaram que 50 indivíduos da melhor família, selecionados de maneira massal para vários caracteres restritivos, são suficientes para conter o melhor indivíduo da progênie.

Considerando os resultados apresentados nas Tabelas 6 e 7, verifica-se que a maior eficiência do método de seleção BLUPIS comparado à seleção dos melhores indivíduos via valores genotípicos preditos, BLUPI, para as características avaliadas, ocorre quando há a seleção de 100 genótipos na melhor família. Em outras palavras, a máxima concordância entre os genótipos selecionados pelos dois métodos ocorre quando n_j é igual a 100.

Diante destes resultados, é possível concluir que a utilização do método BLUPIS para a indicação do número de indivíduos a serem selecionados dentro das melhores famílias é eficiente para o estágio de cana-soca. Contudo, os resultados obtidos neste trabalho são pertinentes apenas para este estudo, havendo a necessidade de avaliação de maior número de experimentos para a possível indicação do número ótimo de indivíduos a ser selecionado na melhor família de irmão germano para as características avaliadas.

4. Conclusões

O método BLUPIS é eficiente na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, quando comparado à seleção realizada utilizando os valores genotípicos individuais preditos via BLUPI, para as

características massa média de colmos, teor de sólidos solúveis totais, tonelada de colmos por hectare e tonelada de Brix por hectare.

O número de genótipos a ser selecionado na melhor família e que favorece a maior eficiência entre os métodos BLUPIS e BLUPI é 100. Contudo, os resultados obtidos neste trabalho são pertinentes apenas para este estudo, havendo necessidade da avaliação de maior número de experimentos para a possível indicação do número ótimo de indivíduos a ser selecionado na melhor família de irmãos germanos para cada característica avaliada no estágio de cana-soca em cana-de-açúcar.

5. Agradecimentos

Ao CNPq e à FAPEMIG pelo suporte financeiro ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa.

6. Referências Bibliográficas

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* : Viçosa, v.5, p.443-450, 2005.

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.

BRESSIANI, J.A. Seleção seqüencial em cana-de-açúcar. Piracicaba: USP/ESALQ, 2001. 134p. (Tese).

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.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Ed.). *Manual of cane growing*. Indooroopilly: BSES, 2000. cap. 5, p.91-108.

CRUZ, C.D. Programa Genes: Versão Windows - Biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006. 381p.

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.

KORNDÖRFER, G. H.; RIBEIRO, A. C.; ANDRADE, L. A. B. Sugestões de adubação para cana-de-açúcar. In: RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P. T. G.; ALVAREZ, V. H., *Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais*. 5a. aproximação. Viçosa, MG: Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais. p.285-288. 1999.

MARIOTTI, J. A.; CUENYA, M. I.; SALAS, M. B. G. Análisis de componentes familiares e intra-familiares em progênies de combinaciones biparentales de cana de azucar (*Saccharum spp.*). *Revista Industrial y Agrícola de Tucumán*, v.76, p.52-57, 1999.

- MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; CALHEIROS, G. G. Híbridação em cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (ed.). Híbridação Artificial de Plantas. 1 ed. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa : Editora da UFV, v.1, p.221-254, 1999.
- Mc RAE, T.A.; ERQUIAGA, D.L.; JENSEN, L.F.; RATTEY, A.R.; STRINGER, J.K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: PROCEEDINGS OF THE AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, Brisbane, 1998. Proceedings. Brisbane: ISSCT, 1998. p.196-203.
- RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP. Curitiba: Embrapa Floresta, 2002a. 67p. (Documentos 77).
- RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002b. 975p.
- RESENDE, M.D.V. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65p. (Documentos 100).
- RESENDE, M. D. V. Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561p.
- RESENDE, M. D. V. Selegen-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 359p.
- RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.41, p.421-429, 2006.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical, v.37, p.182-194, 2007.
- VENCOVSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. Brazilian Journal of Genetics, v.1, p.181-191, 1978.

Tabela 1. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH), de 17 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar no estágio de cana-soca, via modelo 20 do programa computacional em genética e estatística Selegen-Reml/Blup (Resende 2002a). Oratórios, MG, 2006.

Parâmetros ¹	MMCp (kg)	BRIXp (%)	TCHp (t ha ⁻¹)	TBHp (t ha ⁻¹)
σ_g^2	0,0087	0,1760	189,8680	7,4679
σ_e^2	0,0351	0,6203	946,9846	35,4741
σ_f^2	0,0439	0,7963	1136,8525	42,9420
\hat{h}_g^2	0,1992 ± 0,1250	0,2210 ± 0,1317	0,1670 ± 0,1145	0,1739 ± 0,1168
\hat{h}_{mf}^2	0,5988	0,6299	0,5461	0,5581
Ac _{fam}	0,7738	0,7937	0,7390	0,7471
CV _{gi} (%)	8,9159	2,2035	12,2114	12,6662
CV _e (%)	17,8759	4,1368	27,2716	27,6060
CV _r	0,4988	0,5326	0,4478	0,4588
Média Geral	1,0486	19,0389	112,8396	21,5751

¹ Variância genotípica (σ_g^2); variância residual (σ_e^2); variância fenotípica individual (σ_f^2); herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (\hat{h}_g^2); herdabilidade da média de família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2); acurácia da seleção de famílias (Ac_{fam}); coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}%); coeficiente de variação ambiental (CV_e%); e coeficiente de variação relativa (CV_r).

Tabela 2. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: massa média de colmos (MMC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH), de 17 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar no estágio de cana-soca, via modelo 147 do programa computacional em genética e estatística Selegen-Reml/Blup (Resende 2002a). Oratórios, MG, 2006.

Parâmetros ¹	MMC (kg)	BRIX (%)	TCH (t ha ⁻¹)	TBH (t ha ⁻¹)
σ_g^2	0,0055	0,1669	125,8333	5,3226
σ_{parc}^2	0,0172	0,3343	217,6695	8,1346
σ_{dentro}^2	0,2183	3,2314	8722,4475	327,8700
σ_f^2	0,2410	3,7327	9065,9502	341,3273
\hat{h}_a^2	0,0457 ± 0,0211	0,0895 ± 0,0296	0,0278 ± 0,0165	0,0312 ± 0,0175
Média Geral	1,0531	19,0224	114,5600	21,9062

¹ Variância genotípica entre progênies de irmãos germanos (σ_g^2); variância ambiental entre parcelas (σ_{parc}^2); variância residual dentro de parcela (σ_{dentro}^2); variância fenotípica individual (σ_f^2) e herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2).

Tabela 3. Valores dos efeitos genotípicos (\hat{g}_j), do número de genótipos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPIS e número de genótipos selecionados através do valor genotípico individual predito via BLUPI, para as características massa média de colmos (MMC) e sólidos solúveis totais (BRIX), considerando os números de genótipos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2006.

Família	\hat{g}_j	$(n_j = 50)$		$(n_j = 100)$		$(n_j = 120)$	
		BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI
MMC							
97	0,1026	50	85	100	89	120	89
14	0,0966	47	84	94	108	113	109
44	0,0697	34	32	68	72	82	81
116	0,0677	33	7	66	62	79	77
22	0,0567	28	7	55	51	66	71
78	0,0328	16	1	32	12	38	17
19	0,0138	7	1	13	26	16	49
62	0,0078	4	0	8	3	9	4
33	-0,0052	0	2	0	5	0	6
112	-0,0052	0	0	0	7	0	14
82	-0,0151	0	0	0	1	0	2
98	-0,0231	0	0	0	0	0	0
121	-0,0351	0	0	0	0	0	4
123	-0,0391	0	0	0	0	0	0
76	-0,0561	0	0	0	0	0	0
48	-0,0750	0	0	0	0	0	0
109	-0,1938	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		219	219	436	436	523	523
$r_{BLUPIS,BLUPI}^*$		0,85		0,98		0,95	
BRIX							
78	0,4175	50	87	100	94	120	99
121	0,3240	39	53	78	78	93	87
33	0,2768	33	61	66	89	80	93
116	0,2589	31	6	62	48	74	55
123	0,2495	30	20	60	58	72	69
98	0,2464	30	3	59	38	71	54
22	0,1414	17	21	34	62	41	74
44	0,1162	14	7	28	34	33	47
19	0,0931	11	8	22	28	27	47
112	0,0899	11	0	22	2	26	11
109	-0,0382	0	0	0	0	0	0
76	-0,1064	0	0	0	0	0	1
97	-0,1064	0	0	0	0	0	0
48	-0,2303	0	0	0	0	0	0
62	-0,3227	0	0	0	0	0	0
14	-0,6670	0	0	0	0	0	0
82	-0,7426	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		266	266	531	531	637	637
$r_{BLUPIS,BLUPI}$		0,82		0,93		0,93	

* Coeficiente de correlação entre os número de indivíduos a serem selecionados pelo método BLUPIS e o número de indivíduos selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI) para cada valor de n_j .

Tabela 4. Valores dos efeitos genotípicos (\hat{g}_j), do número de genótipos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPIS e número de genótipos selecionados através do valor genotípico individual predito via BLUPI, para as características tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de BRUX por hectare (TBH), considerando os números de genótipos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2006.

Família	\hat{g}_j	$(n_j = 50)$		$(n_j = 100)$		$(n_j = 120)$	
		BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI	BLUPIS (n_k)	BLUPI
TCH							
44	20,4909	50	84	100	84	120	84
76	7,4657	18	3	36	20	44	26
97	7,3701	18	22	36	68	43	85
116	7,0853	17	11	35	36	41	46
78	6,9897	17	19	34	52	41	63
62	6,8414	17	9	33	31	40	40
22	5,0303	12	0	25	2	29	2
123	1,8504	5	0	9	2	11	2
121	1,4008	3	12	7	25	8	32
33	1,1879	3	0	6	0	7	1
14	-0,8325	0	0	0	1	0	3
82	-5,2292	0	0	0	0	0	0
112	-6,6189	0	0	0	0	0	0
48	-8,2534	0	0	0	0	0	0
98	-9,5212	0	0	0	0	0	0
19	-10,5969	0	0	0	0	0	0
109	-24,6605	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		160	160	321	321	384	384
$r_{BLUPIS,BLUPI}^*$		0,90		0,88		0,83	
TBH							
44	4,0937	50	84	100	84	120	84
78	1,7617	22	31	43	86	52	100
116	1,7310	21	17	42	51	51	62
76	1,4548	18	4	36	21	43	30
97	1,2520	15	10	31	35	37	49
22	1,0845	13	0	26	3	32	3
62	1,0408	13	3	25	12	31	16
121	0,6129	7	19	15	42	18	54
123	0,4985	6	0	12	2	15	5
33	0,2781	3	0	7	1	8	2
14	-0,8595	0	0	0	0	0	0
112	-1,0837	0	0	0	0	0	2
82	-1,6381	0	0	0	0	0	0
48	-1,7004	0	0	0	0	0	0
98	-1,8046	0	0	0	0	0	0
19	-1,9730	0	0	0	0	0	0
109	-4,7487	0	0	0	0	0	0
Total selecionados		168	168	337	337	407	407
$r_{BLUPIS,BLUPI}$		0,90		0,85		0,81	

* Coeficiente de correlação entre os número de indivíduos a serem selecionados pelo método BLUPIS e o número de indivíduos selecionados através do valor genotípico individual (BLUPI) para cada valor de n_j .

Tabela 5. Distribuição do número de genótipos a serem selecionados (n_k) pelo método BLUPI e de selecionados através do valor genotípico individual predito via BLUPI dentro das repetições, para a característica massa média de colmos (MMC) considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2006.

Famílias	$(n_j = 50)$						$(n_j = 100)$						$(n_j = 120)$					
	BLUPIS (n_k)		BLUPI		BLUPIS (n_k)		BLUPI		BLUPIS (n_k)		BLUPI		BLUPIS (n_k)		BLUPI			
	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição	Repetição		
97	8 8 8 8 8 8	13 17 11 14 13 17	17 17 17 17 17 17	13 18 13 14 14 17	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6	1 2 3 4 5 6		
14	8 8 8 8 8 8	13 11 15 17 13 15	16 16 16 16 16 16	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18	19 17 17 20 17 18		
44	6 6 6 6 6 6	5 4 7 7 6 3	11 11 11 11 11 11	10 13 11 12 13 13	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14	14 14 14 14 14 14		
116	5 6 5 6 5 6	1 2 1 1 1 1	11 11 11 11 11 11	11 15 9 10 8 9	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13	13 13 13 13 13 13		
22	5 5 5 5 5 5	0 1 2 0 3 1	9 9 9 9 9 9	7 10 7 9 9 9	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11	11 11 11 11 11 11		
78	3 3 3 3 3 3	0 1 0 0 0 0	5 5 5 5 5 5	3 6 1 1 1 0	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6	6 6 6 6 6 6		
19	1 1 1 1 1 1	0 0 1 0 0 0	2 2 2 2 2 2	3 7 3 5 4 4	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3	3 3 3 3 3 3		
62	1 1 1 1 1 1	0 0 0 0 0 0	1 1 1 1 1 1	0 0 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1	1 1 1 1 0 1		
33	0 0 0 0 0 0	1 0 0 1 0 0	0 0 0 0 0 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0	1 1 1 1 1 0		
112	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		
82	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		
98	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		
121	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		
123	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		
76	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		
48	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		
109	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0		

Tabela 6. Estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$) e do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), dos p-valores associados às hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ (p-valor 0) e $h_0: \beta_1 = 1$ (p-valor 1), e dos coeficientes de determinação (R^2), associados às regressões entre o número total de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar através do valor genotípico individual via BLUPI e o número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, 2006.

Características	n_j	$\hat{\beta}_0$	$\hat{\beta}_1$	P ($\hat{\beta}_0 = 0$)	P ($\hat{\beta}_1 = 1$)	R^2
MMC	50	-4,1246	1,3202	0,3809	0,1478	72,52
	100	0,6217	0,9758	0,8054	0,6771	95,12
	120	4,4820	0,8543	0,2341	0,0528	91,02
BRIX	50	-4,4128	1,2820	0,4150	0,2469	66,67
	100	0,8777	0,9719	0,8415	0,7739	87,22
	120	4,2716	0,8860	0,3760	0,2094	87,38
TCH	50	-4,0040	1,4254	0,1715	0,0299	81,16
	100	1,7340	0,9082	0,6766	0,4890	76,64
	120	4,2581	0,8115	0,4426	0,2073	68,21
TBH	50	-4,4161	1,4469	0,1552	0,0277	80,60
	100	0,8523	0,9570	0,8672	0,7863	71,56
	120	3,5221	0,8529	0,5825	0,3776	64,94

Tabela 7. Estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$) e do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), dos p-valores associados às hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ (p-valor 0) e $h_0: \beta_1 = 1$ (p-valor 1), e dos coeficientes de determinação (R^2), associados às regressões entre as distribuições dentro de cada repetição do número de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar através do valor genotípico individual via BLUPI e do número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, 2006.

Características	n_j	$\hat{\beta}_0$	$\hat{\beta}_1$	p-valor 0	p-valor 1	R^2
MMC	50	-0,6876	1,3203	0,0444	0,0021	70,03
	100	0,1037	0,9757	0,6264	0,4130	91,98
	120	0,7469	0,8543	0,0158	0,0003	87,97
BRIX	50	-0,7358	1,2821	0,0667	0,0124	62,51
	100	0,1457	0,9720	0,6785	0,5526	81,66
	120	0,7114	0,8861	0,0840	0,0178	81,07
TCH	50	-0,6680	1,4258	0,0053	0,0001	76,83
	100	0,2882	0,9084	0,3349	0,1174	73,09
	120	0,7093	0,8116	0,0767	0,0062	65,19
TBH	50	-0,7366	1,4472	0,0034	0,0000	77,09
	100	0,1410	0,9573	0,6902	0,5196	68,64
	120	0,5861	0,8531	0,1918	0,0429	62,28

CONCLUSÕES GERAIS

O método BLUPIS é eficiente na seleção de genótipos dentro de famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, nos estágios de cana-planta e cana-soca, quando comparado à seleção realizada utilizando os valores genotípicos individuais preditos via BLUPI, para as características massa média de colmos, teor de sólidos solúveis totais, tonelada de colmos por hectare e tonelada de Brix por hectare.

Os números ótimos de genótipos a serem selecionados na melhor família e que favorecem a maior eficiência entre os métodos BLUPIS e BLUPI, para o estágio de cana-planta, são: 50 indivíduos para massa média de colmos, 100 para tonelada de colmos por hectare e tonelada de Brix por hectare, e, 120 para teor de sólidos solúveis totais. Já, para o estágio de cana-soca, 100 genótipos selecionados na melhor família, para todas as características avaliadas, favorece a maior eficiência do método BLUPIS.

Os resultados obtidos neste trabalho são pertinentes apenas para este estudo, havendo necessidade da avaliação de maior número de experimentos para a possível indicação do número ótimo de genótipos a ser selecionado na melhor família de irmãos germanos para cada característica avaliada, nos estágios de cana-planta e de cana-soca, em cana-de-açúcar.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS GERAIS

- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* : Viçosa, v.5, p.443-450, 2005.
- 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.; 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.
- BASTOS, I.T. Capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). Viçosa: UFV, 2001. 48p. (Dissertação).
- BRESSIANI, J.A. Seleção seqüencial em cana-de-açúcar. Piracicaba: USP/ESALQ, 2001. 134p. (Tese).
- 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.
- COX, M.C.; HOGARTH, D.M. The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, Brisbane, 1993. Proceedings. Brisbane: BSES, 1993. v.10, p.53-54.
- COX, M.C.; HOGARTH, D.M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Ed.). *Manual of cane growing*. Indooroopilly: BSES, 2000. cap. 5, p.91-108.
- CRUZ, C.D. Programa Genes: Versão Windows - Biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006. 381p.
- DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D.J. (Ed.). *Sugarcane improvement through breeding*. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 7-84.

FARIAS NETO, J.T.; LINS, P.M.P.; RESENDE, M.D.V.; MULLER, A.A. Seleção genética em progênes híbridas de coqueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.31, n.1, p.190-196, 2009.

HENDERSON, C.R. *Applications of linear models in animal breeding*. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

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.

KORNDÖRFER, G. H.; RIBEIRO, A. C.; ANDRADE, L. A. B. Sugestões de adubação para cana-de-açúcar. In: RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P. T. G.; ALVAREZ, V. H., *Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais. 5a. aproximação*. Viçosa, MG: Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais. p.285-288. 1999.

LEITE, M.S.O. *Tamanho da amostra para seleção de famílias de cana de açúcar*. Viçosa: UFV, 2007. 51p. (Dissertação).

MARIOTTI, J. A.; CUENYA, M. I.; SALAS, M. B. G. Análisis de componentes familiares e intra-familiares em progênes de combinaciones biparentales de cana de azucar (*Saccharum spp.*). *Revista Industrial y Agrícola de Tucumán*, v.76, p.52-57, 1999.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; CALHEIROS, G. G. Hibridação em cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (ed.). *Hibridação Artificial de Plantas*. 1 ed. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa : Editora da UFV, v.1, p.221-254, 1999.

Mc RAE, T.A.; ERQUIAGA, D.L.; JENSEN, L.F.; RATTEY, A.R.; STRINGER, J.K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: *PROCEEDINGS OF THE AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS*, Brisbane, 1998. *Proceedings*. Brisbane: ISSCT, 1998. p.196-203.

OLIVEIRA, R.A. *Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP*. Curitiba: UFPR, 2007. 127p. (Tese).

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

- RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002b. 975p.
- RESENDE, M.D.V. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65p. (Documentos 100).
- RESENDE, M. D. V. Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561p.
- RESENDE, M. D. V. Selegen-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 359p.
- RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.41, p.421-429, 2006.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical, v.37, p.182-194, 2007.
- RESENDE, R.M.S; RESENDE, M.D.V.; LAURA, V.A.; JANK, L.; VALLE, C.B. Genotypic evaluation of accessions and individual selection in *Stylosanthes* spp. by simulated BLUP method. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.6, p.253-260, 2006.
- VENCOVSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. Brazilian Journal of Genetics, v.1, p.181-191, 1978.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.) Melhoramento e produção de milho. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap. 5, p.137-214.
- WALKER, D.I.T. Trends in sugarcane breeding. In: ABBOTT, A.J.; ATKIN, R.K. (Ed.). Improving vegetative propagated crops. Bristol: Academic Press, 1987. p.3-26.

ANEXOS

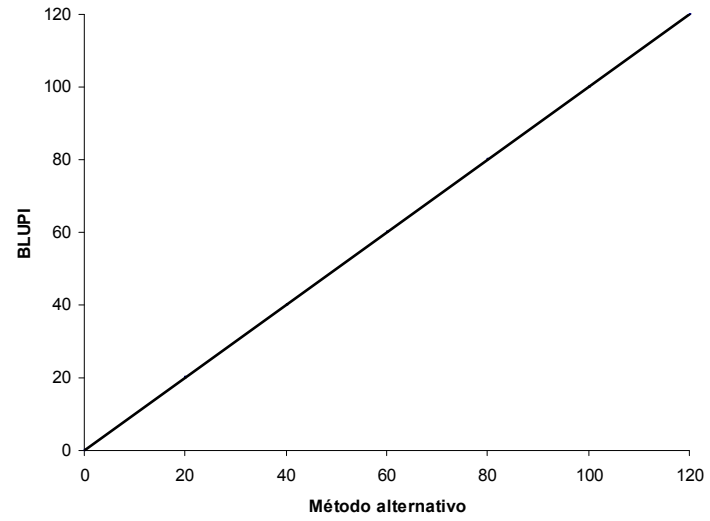
VICOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

ANEXO 1

Tabela A1 – Número, código e número de genótipos avaliados em cada família de irmão germano de cana-de-açúcar para os estágios de cana-planta e cana-soca. Oratórios, MG, 2005 e 2006.

Nº	Código Famílias	Nº de genótipos avaliados/família	
		Cana-planta	Cana-soca
1	14	118	109
2	19	114	101
3	22	111	94
4	33	113	104
5	44	101	84
6	48	111	94
7	62	107	91
8	76	110	88
9	78	112	103
10	82	114	99
11	97	118	89
12	98	120	111
13	109	110	89
14	112	118	98
15	116	117	101
16	121	107	92
17	123	112	90
Total de indivíduos avaliados		1913	1637

ANEXO 2



Eq $y = x$ $R^2 = 1$

Figura A1 – Resposta à seleção do método alternativo de seleção sem a avaliação individual dentro de famílias comparado ao método de seleção via BLUPI.

ANEXO 3

Tabela A2 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias respectivas variâncias, dos p-valores associados às hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ (p-valor 0) e $h_0: \beta_1 = 1$ (p-valor 1) e dos coeficientes de determinação (R^2), associados às regressões entre o número total de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-planta, através do valor genotípico individual via BLUPI e o número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2005.

F.V.	G.L.	Quadrado Médio											
		PMC			BRIX			TCH			TBH		
		$n_j = 50$	$n_j = 100$	$n_j = 120$	$n_j = 50$	$n_j = 100$	$n_j = 120$	$n_j = 50$	$n_j = 100$	$n_j = 120$	$n_j = 50$	$n_j = 100$	$n_j = 120$
Regressão	1	5530,354	13575,622	18484,875	9034,974	25269,940	25877,060	7742,852	23579,591	28284,726	8615,573	20801,750	24595,570
Resíduo	15	34,541	69,829	92,271	162,727	181,306	199,467	341,708	476,443	406,736	406,766	408,566	540,146
$\hat{\beta}_0$		-1,034	3,627	5,076	-4,489	-4,422	-0,847	-3,508	-0,651	3,528	-5,515	-0,314	3,821
$\hat{\beta}_1$		1,085	0,850	0,825	1,465	1,229	1,036	1,166	1,015	0,931	1,302	1,009	0,913
Var($\hat{\beta}_0$)		3,122	6,292	8,299	13,171	14,700	16,204	46,991	65,700	56,172	50,558	50,695	67,018
Var($\hat{\beta}_1$)		0,007	0,004	0,003	0,039	0,011	0,008	0,060	0,021	0,012	0,080	0,020	0,018
p-valor 0		56,709	16,874	9,844	23,514	26,686	83,620	61,628	93,707	64,464	45,005	96,536	64,735
p-valor 1		33,769	2,682	0,905	3,186	4,380	69,440	50,903	91,697	54,378	30,213	95,225	52,950
R^2 (%)		91,43	92,84	93,03	78,73	90,28	89,64	60,17	76,74	82,26	58,54	77,24	75,22

ANEXO 4

Tabela A3 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias respectivas variâncias, dos p-valores associados às hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ (p-valor 0) e $h_0: \beta_1 = 1$ (p-valor 1) e dos coeficientes de determinação (R^2), associados às regressões dentro de cada repetição do número de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-plantar, através do valor genotípico individual via BLUPI e do número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_i) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2005.

F.V.	G.L.	Quadrado Médio											
		PMC			BRIX			TCH			TBH		
		$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$
Regressão	1	926,145	2268,336	3085,876	1505,824	4211,697	4312,844	1439,384	3471,660	4104,298	1294,302	3935,537	4719,362
Resíduo	100	1,648	3,115	3,476	4,285	4,816	5,705	11,405	12,165	15,337	9,971	13,767	11,981
$\hat{\beta}_0$		-0,177	0,600	0,843	-0,748	-0,737	-0,141	-0,924	-0,056	0,633	-0,591	-0,113	0,584
$\hat{\beta}_1$		1,087	0,851	0,826	1,465	1,229	1,036	1,304	1,009	0,913	1,167	1,016	0,931
Var($\hat{\beta}_0$)		0,025	0,047	0,052	0,058	0,065	0,077	0,236	0,252	0,317	0,229	0,316	0,276
Var($\hat{\beta}_1$)		0,002	0,001	0,001	0,006	0,002	0,001	0,013	0,004	0,003	0,010	0,004	0,002
p-valor 0		27,762	1,413	0,217	0,714	1,124	61,893	7,675	91,194	27,869	23,562	84,295	28,378
p-valor 1		7,592	0,028	0,001	0,003	0,006	34,893	1,936	87,881	14,200	12,320	79,371	16,295
R^2 (%)		84,90	87,93	89,88	77,85	89,74	88,32	55,79	74,05	72,80	56,48	74,08	79,75

ANEXO 7

Tabela A6 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias respectivas variâncias, dos p-valores associados às hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ (p-valor 0) e $h_0: \beta_1 = 1$ (p-valor 1) e dos coeficientes de determinação (R^2), associados às regressões entre o número total de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, através do valor genotípico individual via BLUPI e o número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_i) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2006.

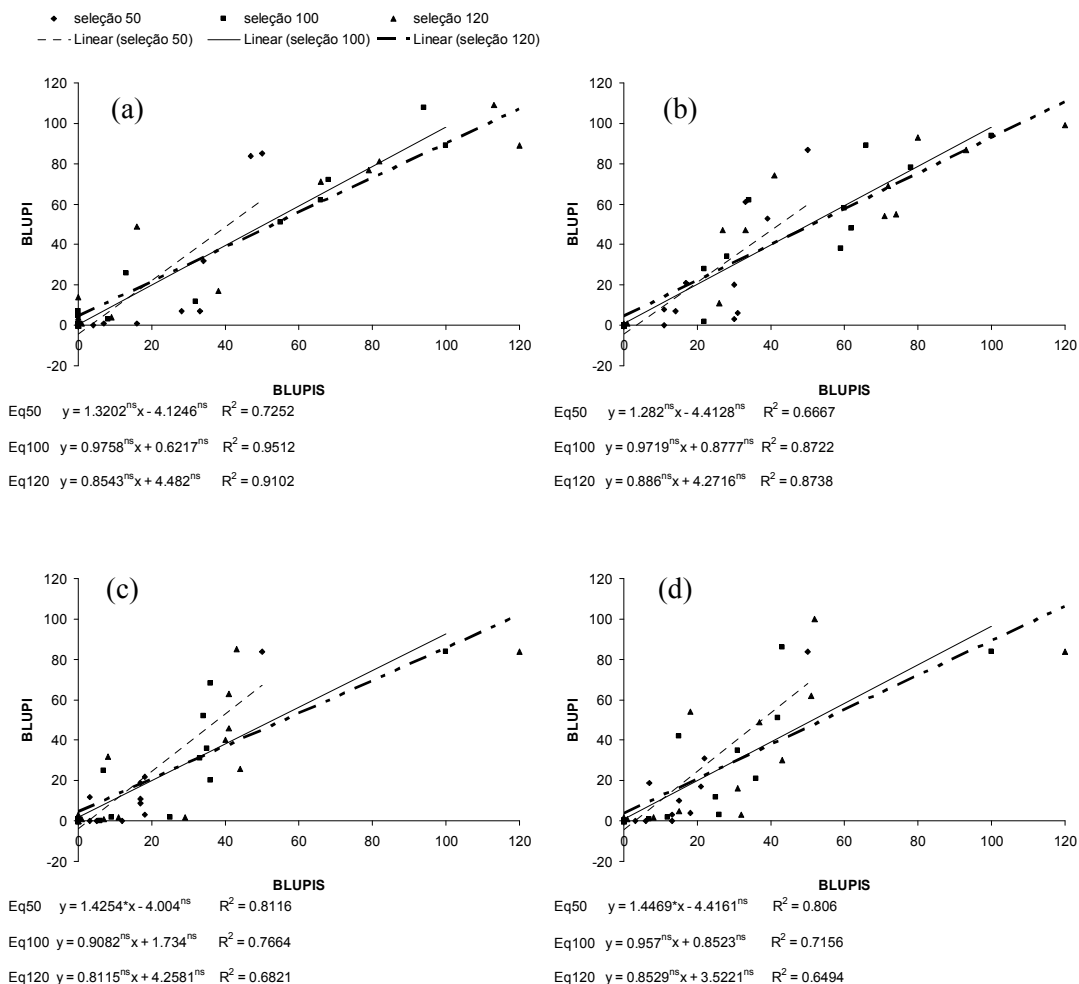
F.V.	G.L.	Quadrado Médio											
		PMC			BRIX			TCH			TBH		
		$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$
Regressão	1	9128,698	19914,172	22027,646	7290,687	16707,024	19983,062	5478,082	8900,768	10238,645	5748,074	9990,635	11476,391
Resíduo	15	230,604	68,114	144,894	243,013	163,202	192,345	84,802	180,866	318,098	92,246	264,656	412,970
$\hat{\beta}_0$		-4,125	0,622	4,482	-4,413	0,878	4,272	-4,004	1,734	4,258	-4,416	0,852	3,522
$\hat{\beta}_1$		1,320	0,976	0,854	1,282	0,972	0,886	1,425	0,908	0,811	1,447	0,957	0,853
Var ($\hat{\beta}_0$)		20,872	6,149	13,067	27,708	18,603	21,923	7,775	16,615	29,150	8,707	25,102	39,296
Var ($\hat{\beta}_1$)		0,044	0,003	0,005	0,055	0,009	0,008	0,031	0,017	0,020	0,034	0,024	0,026
p-valor 0		0,381	0,805	0,234	0,415	0,841	0,376	0,172	0,677	0,443	0,155	0,867	0,583
p-valor 1		0,148	0,677	0,053	0,247	0,774	0,209	0,030	0,489	0,207	0,028	0,786	0,378
R^2 (%)		72,52	95,12	91,02	66,67	87,22	87,38	81,16	76,64	68,21	80,60	71,56	64,94

ANEXO 8

Tabela A7 – Resumo das análises de regressão linear, estimativas da constante de regressão ($\hat{\beta}_0$), do coeficiente de regressão linear ($\hat{\beta}_1$), das variâncias respectivas variâncias, dos p-valores associados às hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ (p-valor 0) e $h_0: \beta_1 = 1$ (p-valor 1) e dos coeficientes de determinação (R^2), associados às regressões entre as distribuições dentro de cada repetição do número de genótipos selecionados em cada família de irmão germanos de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, através do valor genotípico individual via BLUPI e do número total de genótipos a serem selecionados em cada família pelo método BLUPIS, para as características avaliadas, considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_i) iguais a 50, 100 e 120. Oratórios, MG, 2006.

F.V.	G.L.	Quadrado Médio											
		PMC			BRIX			TCH			TBH		
		$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$	$n_i = 50$	$n_i = 100$	$n_i = 120$
Regressão	1	1521,651	3318,915	3671,476	1215,350	2785,151	3331,165	913,532	1484,324	1706,864	958,465	1666,242	1913,739
Resíduo	100	6,511	2,894	5,019	7,290	6,255	7,777	2,755	5,465	9,115	2,848	7,613	11,593
$\hat{\beta}_0$		-0,688	0,104	0,747	-0,736	0,146	0,711	-0,668	0,288	0,709	-0,737	0,141	0,586
$\hat{\beta}_1$		1,320	0,976	0,854	1,282	0,972	0,886	1,426	0,908	0,812	1,447	0,957	0,853
Var ($\hat{\beta}_0$)		0,098	0,044	0,075	0,139	0,119	0,148	0,042	0,084	0,139	0,045	0,120	0,184
Var ($\hat{\beta}_1$)		0,007	0,001	0,001	0,010	0,002	0,002	0,006	0,003	0,004	0,006	0,004	0,004
p-valor 0		0,044	0,626	0,016	0,067	0,679	0,084	0,005	0,335	0,077	0,003	0,690	0,192
p-valor 1		0,002	0,413	0,000	0,012	0,553	0,018	0,000	0,117	0,006	0,000	0,520	0,043
R^2 (%)		70,03	91,98	87,97	62,51	81,66	81,07	76,83	73,09	65,19	77,09	68,64	62,28

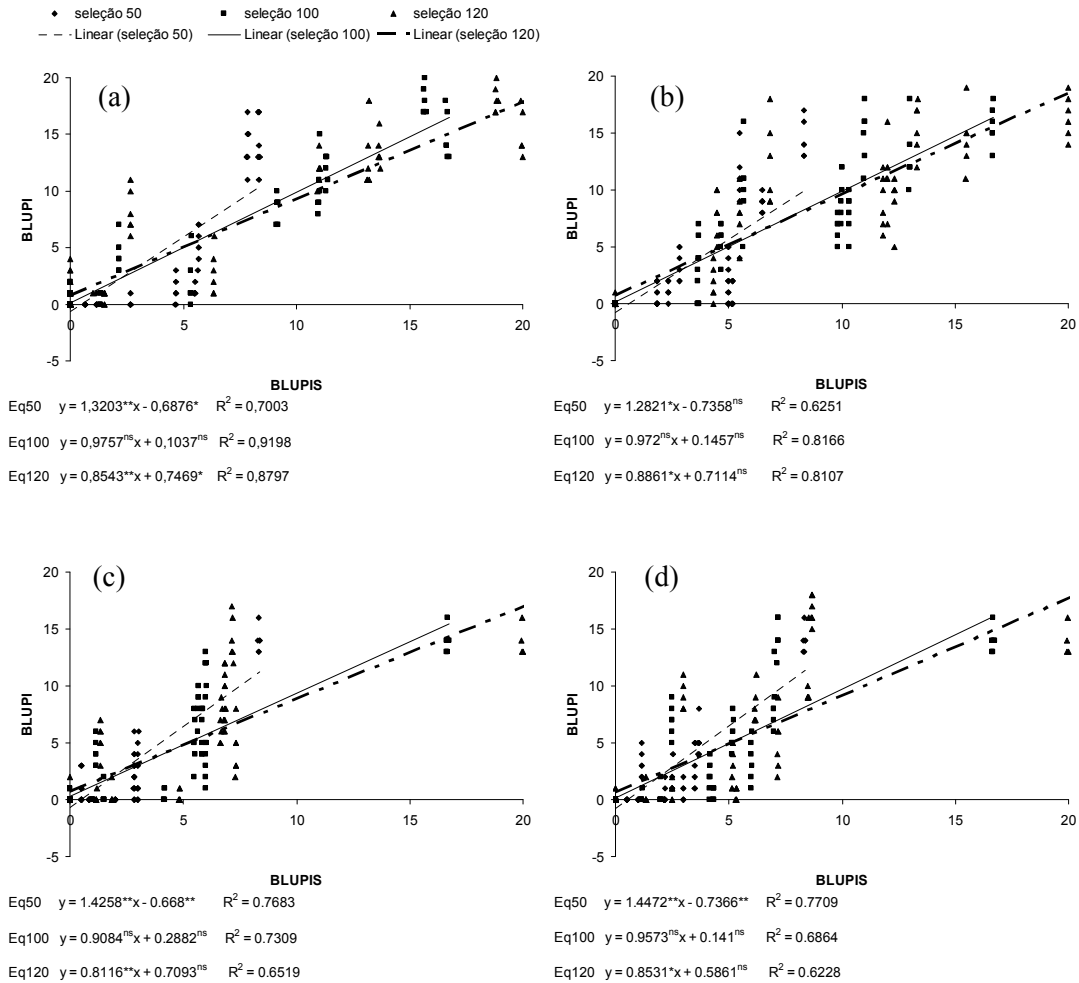
ANEXO 9



*, ^{ns} Significativo a 5% e não significativo pelo teste t, respectivamente, para as hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ e $h_0: \beta_1 = 1$.

Figura A2 – Comparação entre as metodologias BLUPIS e BLUPI para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família iguais a 50, 100 e 120, considerando o número total de indivíduos selecionados em cada família de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, para as características: (a) massa média de colmos (MMC); (b) sólidos solúveis totais (BRIX); (c) tonelada de colmos por hectare (TCH); (d) toneladas de BRIX por hectare (TBH). Oratórios, MG, 2006.

ANEXO 10



** , * , ^{ns} Significativos a 1 e 5% e não significativo pelo teste t, respectivamente, para as hipóteses $h_0: \beta_0 = 0$ e $h_0: \beta_1 = 1$.

Figura A3 – Comparação entre as metodologias BLUPIS e BLUPI para os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família iguais a 50, 100 e 120, considerando número de indivíduos selecionados por família de cana-de-açúcar, no estágio de cana-soca, em cada repetição experimental para as características: (a) massa média de colmos (MMC); (b) sólidos solúveis totais (BRIX); (c) tonelada de colmos por hectare (TCH); (d) toneladas de BRIX por hectare (TBH). Oratórios, MG, 2006.