

THIAGO OTÁVIO MENDES DE PAULA

GRUPOS HETERÓTICOS E SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA
EM CANA-DE-AÇÚCAR

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
2013

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

T

P324g
2013

Paula, Thiago Otávio Mendes de, 1983-

Grupos heteróticos e seleção recorrente recíproca em cana-de-
açúcar / Thiago Otávio Mendes de Paula. – Viçosa, MG, 2013.
viii, 81 f. : il. ; 29 cm.

Inclui anexos.

Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético. 2. Melhoramento
genético. 3. Heterose. 4. *Saccharum* spp. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.612

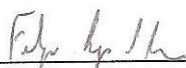
THIAGO OTÁVIO MENDES DE PAULA

**GRUPOS HETERÓTICOS E SELEÇÃO RECORRENTE
RECÍPROCA EM CANA-DE-AÇÚCAR**

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 em 28 de fevereiro de 2013.

Comissão Examinadora:



Dr. Felipe Lopes da Silva



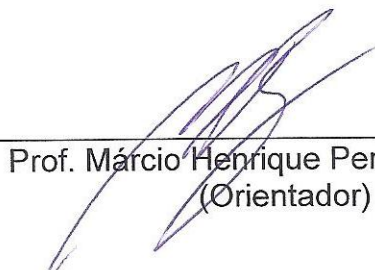
Dr. Volmir Kist



Prof. Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)



Prof. Leonardo Lopes Bhering



Prof. Márcio Henrique Pereira Barbosa
(Orientador)

Ao meu filho Pedro Otávio.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Deixo aqui registrado os meus agradecimentos a todos que comungam comigo mais esta vitória, com participações maiores ou menores, fizeram parte do meu dia a dia durante esse período de doutorado, contribuindo para o resultado final que vai além da publicação de um trabalho, trazendo também amadurecimento profissional e pessoal. Em especial, gostaria de agradecer:

Ao nosso bom DEUS, que na essência, à perfeição conduz.

A Nossa Senhora de Aparecida, mãe protetora, que sempre me dá proteção nos momentos de maior aflição.

A toda minha família, bem mais precioso que possuo que me fortalece a cada nova caminhada, em especial minha querida mainha, minha carinhosa irmã e meu querido fillhote. A existência do meu filhote (Pedro Otávio), alegria constante e duradoura, agradeço a Rose, uma mãe muito dedicada. Um especial agradecimento à minha Vó Lita, pelas orações constantes e a para minha prima Letícia, pela atenção e carinho.

Ao Professor Márcio Barbosa, meu orientador, agradeço por todo apoio, incentivos, respeito e dedicação dispensados a mim. Sempre presente, prestou toda atenção necessária para a realização deste trabalho.

Aos meus co-orientadores os Professores Luiz Alexandre Peternelli e Marcos Deon Vilela de Resende, pela amizade e por toda presteza que tiveram durante o meu doutorado.

Ao Prof. Collins Kimbeng, orientador durante o período de doutorado sanduíche na Louisiana State University, agradeço por toda atenção que teve desde os primeiros e-mails. Foram boas as conversas, mesmo que o inglês não ajudasse nos primeiros meses. Se não uma relação profissional, ficou com certeza uma boa amizade.

À Universidade Federal de Viçosa, que, por meio dos seus cursos de pós graduação, disponibiliza formação de qualidade para os profissionais que por aqui passam.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de doutorado e doutorado sanduíche.

Aos docentes do Programa de Genética e Melhoramento.

Aos Funcionários do CECA, pelo importante apoio durante a condução dos ensaios - Vicente, Marquinhos, Luiz, Daniel, Edílson, Eduardo, Geraldo, Jairo, os três Zé (Afonso, Carlos, Geraldo), Sebastião, Luís e Rodrigo.

Aos amigos Volmir e Sabrina pela companhia nas idas ao CECA e ajuda na coleta de dados dos experimentos.

Ao Seu Ronaldo e a Dona Efigênia, pessoas incríveis que me acolheram como filho, até porque não tinham muita escolha, pois eu estava namorando com a filha deles...rsrsr... (brincadeira). Tenho de fato um profundo respeito e admiração por estes dois.

À Ana Carolina, pelo carinho e dedicação. Fez os meus momentos em Viçosa muito mais felizes.

Aos colegas do Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, tanto pela amizade e companheirismo quanto pelo muito que pude aprender do contato com seus projetos e experiências profissionais, tão diversas das minhas.

Ao amigo Azul (que adorava a cor rosa quando criança... rsrs...), vulgarmente conhecido como Wellington Gomes, pela sincera amizade e companheirismo. Pelas mesmas razões, agradeço o amigo Samuel Valadares.

Aos amigos Emilio e Carol, pela amizade e os vários momentos alegres no Sítio Nosso Sonho.

Aos amigos e amigas da Louisiana State University e Baton Rouge-LA, pela paciência que tiveram, especialmente devido a minha pouca habilidade com o inglês ao longo dos primeiros meses.

A todas as amizades honestas e sinceras que construir aqui em Viçosa junto aos amigos de república, a galera da capoeira, a turma da peteca, a moçada dos bares e festas, a universidade, entre outros momentos e oportunidades.

BIOGRAFIA

Nascido na capital mineira, crescido no sertão norte mineiro e formado pelas andanças por ai afora. Thiago Otávio Mendes de Paula é filho de Elizabeth Mendes Corrêa e Sérgio Otávio Oliveira de Paula. Seu primeiro presente foi a sua irmã Thiara Mendes, nascida no dia do seu primeiro aniversário. Teve um filho logo cedo, Pedro Otávio, motivo de muitas alegrias.

Suas andanças começam em 1998, quando se muda para Salinas-MG para iniciar o curso de Técnico Agrícola, recebendo o título em 2001. No ano de 2002, ingressou no curso de agronomia da Universidade Federal de Minas Gerais, em Montes Claros, graduando-se em janeiro de 2007.

Em março do mesmo ano, rompe as barreiras das Minas Gerais, e fixa residência por dois anos em Campos dos Goytacazes - RJ. Durante esse tempo desenvolve seu trabalho de mestrado junto ao Programa de Melhoramento de Milho Pipoca da Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Defende a sua dissertação em fevereiro de 2009.

De volta para pra Minas, mas agora na zona da mata, iniciou seu doutorado em março de 2009 no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa. Inicia-se nesse momento seu trabalho com melhoramento de cana-de-açúcar junto à equipe da RIDESA da UFV. Em 2012, impulsionado pelo incentivo de amigos, e em especial pelo seu orientador (Prof. Márcio Barbosa), embarca para os Estados Unidos com apoio financeiro do CNPq no Programa de Doutorado Sanduíche. Foi recebido pela equipe de melhoramento de cana-de-açúcar da Louisiana State University. Após um ano, regressa ao Brasil e defende sua tese em fevereiro de 2013.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
INTRODUÇÃO GERAL	1
CAPÍTULO 1.....	5
1. REFERENCIAL TEÓRICO	5
1.1. ORIGEM E CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA	5
1.2. IMPORTÂNCIA ECONÔMICA	6
1.3. MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	8
1.4. AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE FAMÍLIAS.....	13
1.5. DELINEAMENTO DE CRUZAMENTOS	16
1.6 SELEÇÃO VIA REML/BLUP	20
2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	23
CAPÍTULO 2.....	31
GRUPOS HERÓTICOS E SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM CANA-DE-AÇÚCAR	31
RESUMO	32
ABSTRACT	33
1. INTRODUÇÃO	34
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	36
2.1. <i>Detalhes experimentais</i>	36
2.2. <i>Análises dos dados</i>	38
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
3.1. <i>Componentes de variância e parâmetros genéticos</i>	42
3.2. <i>Seleção de cruzamentos</i>	48
3.3. <i>Seleção de genitores</i>	55
3.4. <i>Proposta de obtenção de grupos heteróticos</i>	58
4. CONCLUSÕES	66
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	67
ANEXOS	71

RESUMO

PAULA, Thiago Otávio Mendes de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2013. **Grupos Heteróticos e Seleção Recorrente Recíproca em Cana-de-Açúcar.** Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Coorientadores: Marcos Deon Vilela De Resende e Luiz Alexandre Peternelli.

Experimentos para avaliação de famílias vêm sendo utilizados rotineiramente no programa de melhoramento de cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa com o intuito de selecionar os melhores cruzamentos e predizer o mérito de clones como genitores, a partir dos valores genotípicos e genéticos aditivos, respectivamente. Mais recentemente, os cruzamentos têm sido realizados em um esquema conhecido com fatorial desconexo, pois dentre outras vantagens, permite estimar a capacidade específica de combinação (CEC). As estimativas de CEC podem ser utilizadas como indicadores de heterose (divergência genética e dominância alélica) para definição de grupos heteróticos a serem utilizados na Seleção Recorrente Recíproca (SSR). Para tanto avaliou-se 80 famílias de irmãos completos em cana-de-açúcar obtidas a partir do cruzamento de 38 clones em um esquema denominado fatorial desconexo, com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos, selecionar cruzamentos e genitores, e ainda identificar grupos heteróticos. A análise genético-estatística foi realizada pelo método REML/BLUP. Os resultados revelaram que os efeitos não-aditivos foram predominantes para explicar a variação genética para os caracteres toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibra por hectare (TFH). Para os caracteres brix, fibra e Pol da cana corrigido (PCC) o efeito predominante foi o aditivo. As estimativas de CEC permitiram a formação de dois grupos heteróticos que poderão ser utilizados na SRR. A predição dos valores genéticos aditivos dos genitores, para fins de seleção com base no comportamento das progênies obtidas via fatorial desconexo, é uma alternativa que deve ser utilizada junto aos programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

ABSTRACT

PAULA, Thiago Otávio Mendes de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, february, 2013. **Heterotic group and Reciprocal recurrent selection in sugarcane.** Adviser: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Co-adviser: Marcos Deon Vilela De Resende and Luiz Alexandre Peternelli.

The Sugarcane Breeding Program from Federal University of Viçosa has been routinely done experiments to evaluate the potential of sugarcane families. The aim are select the best crosses and predict the clones merit as parents. Recently, the crossings have been conducted in a scheme called disconnected factorial, because among other advantages, it allows the estimation of specific combining ability (SCA). The SCA estimates can be used as indicators of heterosis (genetic diversity and allelic dominance) to define heterotic groups and then used them in the Reciprocal Recurrent Selection (SSR). Therefore, It was evaluated 80 families of sugarcane obtained from crosses between 38 clones by diconected factorial, with the purpose to estimating genetic parameters, select crosses and parents, and identify heterotic groups. The genetic-statistical analysis was performed by REML/BLUP. The results showed predominance of non-additive effects to explain the genetic variation for tons of stalks per hectare (TSH), tons pol per hectare (TPH) and tons of fiber per hectare (TFH). The additive effect was predominant for brix, fiber and sugar in the cane juice (PCC). Estimates of SCA allowed two heterotic groups that may be used in reciprocal recurrent selection. The prediction of the breeding values of parents by disconnected factorial, is an alternative that should be used in sugarcane breeding programs.

INTRODUÇÃO GERAL

A busca por cultivares mais produtivas é sempre o foco central de um programa de melhoramento de plantas. Neste sentido o melhoramento genético vem desempenhando um papel vital no desenvolvimento do setor sucroenergético em quase todos os países produtores de cana. Dentre os principais objetivos estão, o aumento na produtividade de cana, teor de açúcar, resistência a doenças, além da manutenção de níveis aceitáveis de fibra para a moagem e cogeração de energia (Jackson, 2005; Pedrozo et al., 2011).

A produção de cana-de-açúcar tem apresentado grande crescimento nos últimos anos no Brasil. Na safra 2011/2012, foram cultivados no país cerca de nove milhões de ha, a partir dos quais foram produzidas cerca de 560 mil toneladas de cana-de-açúcar, o que corresponde a uma produtividade média de 65 t/ha (UNICA, 2012). Para suprir a crescente demanda mundial por açúcar e garantir a produção de etanol para abastecimento do mercado interno, é necessário não apenas a incorporação de novas áreas de produção, mas também, o aumento da produtividade. Resultados significativos no sentido de aumentar a produção de açúcar (Milligan et al., 1994; Barbosa et al., 2001; Barbosa et al. 2004; Hogarth e Berding, 2006), resistência a doenças (Walker, 1987; Zhou, 1996, 2004; Bailey, 2004), resistência a insetos (White et al., 1996; Leslie, 2004), e tolerância ao estresse (Moore, 1987) têm ocorrido através de melhoramento genético da cana.

Os programas de melhoramento genético desta cultura, tipicamente, avaliam grande número de plantas provenientes de sementes verdadeiras, sendo que os melhoristas têm, tradicionalmente, empregado seleção de plantas individuais por seleção massal. No entanto, segundo Hogarth et al. (1997) esta seleção é subjetiva, pois é realizada com base na avaliação visual, e apesar de se obter ganhos satisfatórios, este tipo de seleção não é a mais adequada para caracteres de baixa herdabilidade. Aspectos como a falta de repetição, o trabalho intenso e caro na seleção individual de clones e o efeito de competição entre mudas, contribuem para a redução da eficiência seletiva. Assim, parece razoável concluir que a seleção de famílias é particularmente útil para características com baixa herdabilidade, pois estas podem ser repetidas em diferentes locais, melhorando dessa forma as

estimativas das médias, com adicional identificação de famílias mais estáveis (Falconer e Mackay, 1996; Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2005; Atkin et al., 2009; Pedrozo et al., 2011).

Cumprir destacar que o intento da seleção de famílias em cana-de-açúcar, não é obter famílias superiores com valor comercial, mas identificar aquelas com maior frequência de clones superiores. Dessa forma, torna-se possível focar a seleção de clones superiores (seleção individual de clones) dentro das melhores famílias, uma vez que, a probabilidade de encontrar tais clones em etapas iniciais do programa é mais alta (Cox e Hogarth, 1993). Uma vantagem adicional da seleção de família, é que os dados obtidos podem ser usados para inferir sobre valor genético dos pais, com base no desempenho das progênies (Chang e Milligan, 1992; Cox e Stringer, 1998; Barbosa et al., 2005).

O programa de melhoramento de cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa (PMGCA) faz parte de uma rede denominada Rede Interinstitucional de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA). Os trabalhos são desenvolvidos em duas estações de pesquisas, e ainda em parceria com usinas do estado de Minas Gerais, tendo como principal objetivo a obtenção de cultivares com maior produtividade para o setor sucroenergético. As fases de melhoramento que antecedem o lançamento de uma nova cultivar são denominadas: T1 (primeira fase de seleção), T2 (segunda fase de seleção), T3 (terceira fase de seleção), FM (Fase de multiplicação) e FE (Fase de experimentação).

Os experimentos de famílias em cana-de-açúcar têm sido conduzidos pelo PMGCA com intuito de selecionar as melhores famílias, bem como determinar o potencial de clones como genitor para produção de progênies elites. Nesses experimentos avaliam-se *seedlings* (genótipos individuais que podem ser selecionados e clonados) que se desenvolvem a partir de sementes verdadeiras, normalmente plantados em repetição de famílias de irmãos completos. Os valores genéticos aditivos e genotípicos estimados a partir dos dados dos experimentos de famílias, são usados para selecionar genitores, identificar cruzamentos com alta capacidade específica de combinação e ainda orientar seleção individual em cana de açúcar (Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2004; Resende e Barbosa, 2006; Barbosa et al., 2012).

O PMGCA tem buscado melhorar as estimativas do valores genéticos aditivos por meio da adoção de novos arranjos experimentais e técnicas estatísticas nas diferentes fases do desenvolvimento de uma nova cultivar desde 2003 (Barbosa et al., 2004; Barbosa et al., 2005; Silva, 2009; Pedrozo et al., 2011; Carvalho, 2012). A metodologia REML/BLUP é considerada como a melhor ferramenta para obter estimativas confiáveis de valores genéticos aditivos no melhoramento de plantas perenes, onde dados desbalanceados são frequentes (Resende, 2002; Piepho et al., 2008).

Nesse contexto, a utilização de delineamentos genéticos poderia auxiliar a identifica grupos heteróticos em cana-de-açúcar com vista a maximizar a heterose entre os cruzamentos. Um vez formados o grupos heteróticos, os efeitos não aditivos e aditivos poderiam ser explorados via Seleção Recorrente Recíproca. No melhoramento da cana-de-açúcar pouco tem sido feito no sentido de obter os grupos heteróticos de forma que os efeitos envolvidos na explicação de um determinado caráter sejam explorados adequadamente.

Ademais, um grande desafio para os melhoristas é a correta identificação de plantas com potencial para alta produtividade. Diferentes métodos estatísticos e delineamentos genéticos são utilizados como ferramentas de apoio à decisão de seleção, pois fornecem maior potencial para aprimorar a avaliação de famílias e seleção de mudas individuais em programas de melhoramento genético da cana. No curto e médio prazo, o contínuo aprimoramento dos métodos genético/estatísticos de seleção é uma das mais promissoras opções à disposição dos melhoristas para aumentar a eficiência de seleção, especialmente para características controladas por genes quantitativos, como a produção de cana (Hogarth e Berding, 2006; Bernardo, 2008; Heffner et al., 2009).

Por conseguinte, é premente a necessidade de ações que visem à seleção de genótipos superiores em menor espaço de tempo e com menor custo, pois o emprego de variedades mais produtivas é, sem dúvida, a base para uma agricultura mais eficiente. Esse trabalho foi proposto como primeiro esforço para identificar grupos heteróticos em cana-de-açúcar, a assim tornar possível explorar de maneira efetiva tanto os efeitos não aditivos quanto aditivos envolvidos na expressão de

caracteres de importância para cultura. Objetivou-se ainda à estimação de parâmetros genéticos e a seleção de cruzamentos e genitores

CAPÍTULO 1

1. REFERENCIAL TEÓRICO

1.1. Origem e classificação botânica

As atuais variedades de cana-de-açúcar são híbridos poliplóides, altamente complexos, derivados de hibridação interespecífica entre *Saccharum officinarum* e seu parente selvagem *S. spontaneum*, com poucos genes incorporados da *S. barberi* Jesw., *S. sinense* Roxb and *S. robustum* Brandes. A *S. officinarum* ($x = 10$) é um octoplóide ($2n = 80$), e *S. spontaneum* ($x = 8$) apresenta diferentes níveis de ploidia, que variam entre 6 e 12. Consequentemente o número de cromossomos nos clones comerciais pode variar (geralmente de cerca de 100-130), mesmo entre progênie de irmãos completos (Roach, 1984; Daniels e Roach, 1987; D'Hont, 1994).

Diferem ainda em relação às características morfológicas, pois enquanto a espécie *S. Officinarum* se caracteriza por apresentar poucos talos grossos e alto teor de sacarose, a *S. Spontaneum* apresenta muitas hastes finas, produzindo pouca ou nenhuma sacarose. O aumento da capacidade de manter níveis adequados de produtividade ao longo do cortes, foi uma importante característica incorporada na cana moderna a partir da *S. Spontaneum*. Assim devido à sua origem híbrida, aumentaram o rendimento da soca a partir do plantio inicial (Daniels e Roach, 1987).

O centro de origem exato da cana-de-açúcar, ainda é bastante discutível na literatura. Cesnik e Miocque (2004) relatam tratar-se de uma planta nativa das regiões tropicais, com origem nas ilhas do Arquipélago da Polinésia. Mukerjee (1957) considera como sendo do Arquipélago Malaio, Nova Guiné, e ainda de outros grupos de ilhas da Malásia e Polinésia. Para Ethirajan (1987) considerando avaliações históricas e evidências taxonômicas, as cultivares de cana se enquadram em duas categorias. A primeira categoria se refere às canas nobres tropicais que apresentam colmos espessos, macios, suculentos e ricos em açúcar, tendo Nova Guiné como centro de origem. A segunda categoria, com centro de origem no subcontinente indiano, diz respeito às canas indiano-chinesas subtropicais, apresentando colmos finos, duros e pouco produtivos,

A cana-de-açúcar é uma monocotiledônea, semi-perene e, pertencente à tribo Panicoideae, subtribo Andropogoneae, família Gramineae (Poaceae) e gênero *Saccharum*. Suas folhas são alternas e longas, apresentando o limbo com nervuras medianas, fortes e largas, com a base auriculada, possui ainda bainha formando um tubo que envolve o colmo. A inflorescência da cana-de-açúcar é do tipo panícula terminal muito ramificada com flores hermafroditas, e seu fruto é uma cariopse oblonga e pontiaguda. Forma brotos laterais na base para a produção de múltiplas hastes, normalmente de três a quatro metros de altura e cerca de cinco centímetros de diâmetro. Uma haste madura é tipicamente composto por fibra de 11-16%, 12-16% de açúcares solúveis, 2-3% de não-açúcares, e 63-73% de água. O rendimento médio de colmos é 60-70 toneladas por hectare por ano (Matsuoka et al.,1999).

Embora ocorra autofecundação em baixo níveis, a cana é uma espécie de polinização cruzada e apresenta um aspecto interessante com relação ao seu florescimento. Se por um lado, é essencial para os melhoristas desenvolverem novas variedades, pelo outro, o florescimento é uma característica indesejada para a produção da cana-de-açúcar, pois acarreta uma série de prejuízos. Quando a cana floresce, os colmos param de emitir novos entrenós e iniciam um processo conhecido como isoporização, reduzindo o rendimento do processo industrial. O comprimento do dia (fotoperíodo), a temperatura, a umidade, o deslocamento latitudinal são fatores que afetam o comportamento de floração (Moore e Nuss, 1987; Matsuoka et al.,1999).

1.2. Importância econômica

A importância econômica da cana-de-açúcar vem crescendo em todo mundo, especialmente em função de seu potencial para a produção de energia. Deve ser considerado também o potencial desta cultura como estratégia em termos de independência energética, principalmente para países com potencial agrícola. Matéria prima para produção de açúcar, etanol, aguardente, rapadura e energia elétrica, entre outros, faz desta cultura uma das mais importantes para agroindústria nacional. Ocupando uma área de 8,3 milhões de hectares, o Brasil é hoje o maior produtor mundial de cana, totalizando 560 milhões de toneladas na safra 2011/2012, distribuída entre as regiões Centro-Sul e Norte-Nordeste. Em números regionais, na

safras de 2011/2012, a produção Brasileira na região Norte-Nordeste foi de 66 milhões de toneladas, enquanto que na região Centro-Sul foi de 494 milhões de toneladas (Mapa, 2012b, Barbosa et al., 2012).

Os bons números e as perspectivas de contínuo aprimoramento tecnológico, permitem que o País ocupe posição de destaque no mercado mundial de açúcar e etanol. O Brasil é responsável por 20% da produção mundial de açúcar, o que lhe confere o título de maior produtor, seguido da União Européia, Índia e China. Em 2009 o Brasil exportou 25 milhões de toneladas de açúcar, o que corresponde cerca de 70% da produção nacional. Segundo levantamentos do Ministério da Pecuária, Agricultura e do Abastecimento (MAPA), a produção nacional de açúcar na safra 2011/2012 foi de 35,9 milhões de toneladas, enquanto que a produção de etanol foi 22,7 milhões de m³. Em média, 55% da produção brasileira destina-se à produção de álcool e 45% à produção de açúcar (Mapa 2012a).

Nos últimos anos, observou-se significativa evolução da produção brasileira de cana-de-açúcar, impulsionada pelos pesados investimentos no setor sucroenergético e frete a uma nova ordem mundial de produção de energia limpa. Na safra de 2005/2006 a área colhida atingia cerca 5,8 milhões de hectares, e na safra de 2011/2012 a área já alcançava 8,3 milhões de hectares, um crescimento de mais 40% nesses últimos. Observando dados históricos, e considerando o aspecto produtivo, na primeira safra registrada pelo MAPA, o montante em 1948/49 era de 15 milhões de toneladas, na década de 80 a safra chegava em 130 milhões, atingindo a casa das 500 milhões de toneladas na safra de 2008/09. A evolução da produção de etanol também pode ser observada, pois em 1948/49 era de 383 mil m³, saltando para 3,7 milhões m³ na década de 80 e, atualmente com uma produção de 25,7 milhões de m³, o que representa incremento extraordinário (Mapa, 2012a)

Tão importante quanto à produção de cana por hectare é a qualidade da matéria-prima, medida pelo teor de sacarose contido na planta, que determina o potencial de produção de açúcar por tonelada de cana. No Brasil eram produzidos em média nos anos 40 cerca de 115 kg de açúcares totais recuperados (ATR; açúcares: sacarose, frutose e glucose) por tonelada de cana, atualmente a média é de 145 kg. A produtividade de açúcar total recuperável por hectare (TRS) no Brasil tem aumentado a uma taxa média de 155,7 kg ha⁻¹, em 1970, o rendimento nacional

por hectare era 3712 kg ha⁻¹, e em 2011, chegou a 9148 kg ha⁻¹. Esse incremento na produtividade pode ser atribuído uso de novas tecnologias, tanto na agricultura como na indústria (Barbosa et al., 2012).

No mapa de distribuição das usinas sucroenergéticas pelo território nacional, a primeira colocação é de São Paulo (209 usinas), seguido por Goiás (73 usinas). O Estado de Minas Gerais ocupa a terceira colocação, concentrando 67 das 554 usinas. Para garantir a oferta de etanol até 2020, o Brasil precisa construir mais 120 usinas, com perspectivas de dobrar atual produção de moagem, passando de 560 milhões de toneladas de cana na safra atual (2011/12) para 1,2 bilhão de toneladas da matéria-prima em 2020 (Unica, 2012). Isso demonstra o crescimento e a importância do setor sucroalcooleiro para economia Brasileira.

Os números têm mostrado a importância do setor sucroalcooleiro para economia nacional, e por várias razões, o Brasil apresenta-se como importante parceiro com grandes vantagens no mercado internacional de bioetanol, tais como: i) anos de experiência com programa de biocombustível, que é modelo para vários outros países; ii) grande produtor e consumidor; iii) maior capacidade de expansão da produção, já que possui terras disponíveis – são 90 milhões de hectares de terras que podem ser incorporadas ao processo produtivo de maneira sustentável; iv) domina a tecnologia de produção, tanto na parte agrícola como na industrial; e v) tem os custos de produção mais baixos do mundo (Vieira, 2007; Mapa, 2012a).

De todo modo, para planejar aumentos de produção de cana, vários aspectos precisam ser levados em conta, dentre eles: a sustentabilidade da base agrônômica e a tecnologia agrícola, a disponibilidade de áreas livres adequadas, a existência de capacidade industrial para implantação de destilaria, a logística e geração de empregos.

1.3. Melhoramento da cana-de-açúcar

As novas variedades de cana são desenvolvidas através da seleção de genótipos de propagação vegetativa, obtidas a partir de sementes verdadeira após hibridação com genitores superiores. A seleção é aplicada em todas as fases de melhoramento, desde a escolha dos pais, famílias e até os indivíduos superiores dos cruzamentos realizados. Assim em linhas gerais, o melhoramento de cana-de-açúcar

fundamenta-se na seleção e clonagem de genótipos superiores presentes em populações segregantes, que são obtidas através de cruzamentos sexuais. A escolha adequada dos genitores visando maximizar o ganho seletivo é um fator preponderante para o sucesso na seleção. Outros fatores como: instalação, condução, qualidade experimental, a correta escolha dos caracteres, e o rigor na avaliação dos experimentos, também devem ser considerados. A maioria dos caracteres avaliados na cultura tais como teor de sacarose, diâmetro e número de colmos, teor de fibra, precocidade de maturação, resistência a pragas e doenças apresentam herança complexa, ou seja, de natureza quantitativa (Barbosa et al. 2002; Kimbeng e Cox, 2003; Resende e Barbosa, 2005; Stringer et al., 2011)

A variabilidade, ponto de partida para seleção, pode ser alcançada sob diferentes maneiras: i) cruzamentos bi-parentais, cruzamento entre dois genitores conhecidos; ii) policruzamentos, quando um grande número de genótipos é inter cruzado; iii) polinização livre, onde sementes são colhidas em plantas crescendo livremente (Matsuoka et al., 1999). De todo modo, a escolha dos genitores para os cruzamentos é o gargalo nesse processo seletivo, devendo ser planejada de maneira a maximizar a probabilidade de seleção de genótipos superiores com potencial de serem liberados como cultivares comerciais, e ainda serem utilizados em um processo de recorrência. Os cruzamentos devem ainda ser orientados de forma a evitar a ocorrência de cruzamentos entre indivíduos aparentados, empregando preferencialmente clones elites e cultivares desenvolvidos no país ou região, e ainda observando a associação entre importantes caracteres agroindustriais (Resende e Barbosa, 2005; Stringer et al., 2011).

Como característica intrínseca dos programas de melhoramento genético da cana, normalmente avalia-se um grande número de plantas provenientes de sementes verdadeiras, ou seja, geram populações segregantes formadas de milhares de plântulas, as quais serão posteriormente submetidas à seleção. Tradicionalmente tem-se empregado seleção intensiva de plantas individuais por seleção massal, no entanto essas populações segregantes podem ser submetidas a diferentes esquemas seletivos. Dentre as principais estratégias de seleção empregadas, destaca-se a seleção de plantas individuais e seleção de famílias

(Falconer e Mackay, 1996; Bressiani, 2002; Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2004).

Com relação a seleção individual, muitos são os programas de melhoramento que utilizam esse procedimento, principalmente para caracteres de alta herdabilidade, tais como Brix, resistência ao florescimento e as doenças causadas por fungos. Em contrapartida a seleção de famílias é particularmente útil para características com baixa herdabilidade, pois ao contrário do clones na fase inicial do programa, estas podem ser repetidas em diferentes locais, melhorando dessa forma as estimativas das médias, com adicional identificação de famílias mais estáveis. Entretanto tal procedimento pode levar ao descarte de indivíduos superiores presentes em famílias com baixa média, mas com elevada variância. (Falconer e Mackay, 1996; Bressiani, 2002; Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2004; Barbosa et al., 2005; Atkin et al., 2009; Pedrozo et al., 2011).

O esquema (a) apresentado na Figura 1, tem sido o esquema básico para geração de clone superiores adotado pela RIDESA nos últimos anos. A partir dos cruzamentos, selecionam-se, de forma massal, os indivíduos a serem submetidos aos testes clonais. Em outras palavras, não se utiliza da informação de família para a seleção dos clones potenciais. Os critérios empregados para escolha dos cruzamentos são: i) Evitar cruzamentos entre parentes, ii) Preferencialmente, empregam-se nos cruzamentos clones elites e cultivares desenvolvidos no País ou região, iii) Associação de importantes características agroindustriais.

O esquema (b), conforme apresentado na Figura 1, faz uso dos testes de famílias em experimentos com repetições, mas não são realizadas medições em nível individual. Assim, não é possível a predição dos valores genotípicos individuais dos clones potenciais pelo procedimento BLUP individual (Resende, 2002). Entretanto, pode-se utilizar o procedimento BLUPIS (BLUP Individual Simulado) desenvolvido por Resende e Barbosa (2006), o qual é uma aproximação ao BLUP individual e indica quantos indivíduos devem ser selecionados em cada família e submetidos a teste clonal. Esse esquema é ideal para ser empregado em cana-de-açúcar, onde as parcelas experimentais são colhidas em sua totalidade.

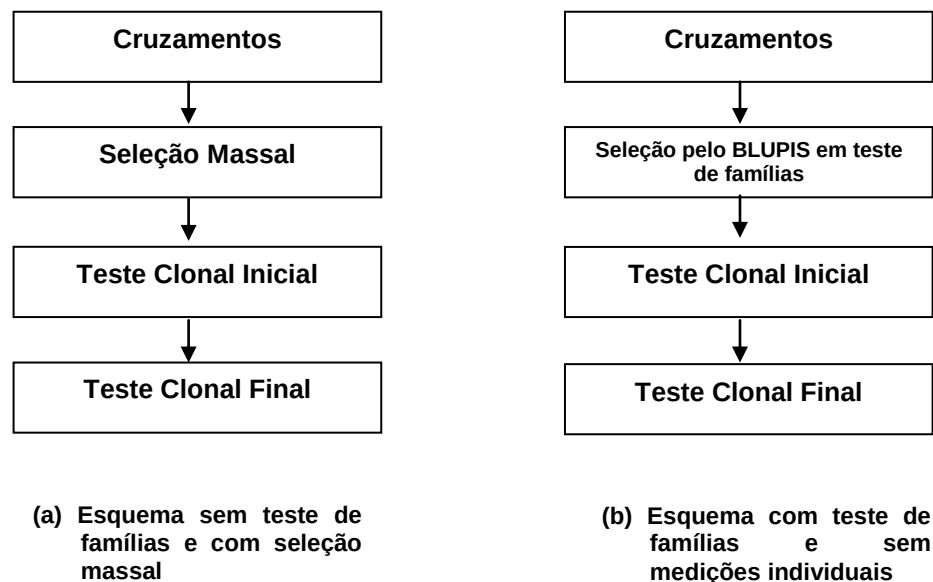


Figura 1. Esquemas básicos para a geração de clones superiores em cana-de-açúcar (Resende e Baborsa, 2005).

Embora não explicitamente, a seleção recorrente intrapopulacional (SRI) tem sido aplicada ao melhoramento da cana-de-açúcar. Os clones superiores gerados ao final do procedimento básico (cruzamento seguido pela seleção clonal) são inter cruzados (recombinação) para a geração das famílias híbridas de um novo ciclo seletivo (Figura 2). A cana-de-açúcar é semi-perene e, portanto, há sobreposição de gerações, isto é, clones criados em diferentes anos são inter cruzados e não apenas aqueles de determinado ciclo seletivo. A SRI é mais eficiente em espécies que não apresentam elevada heterose e/ou divergência genética no material sob melhoramento. Caso contrário, a seleção recorrente recíproca (SRR) deve ser preferida (Resende e Barbosa, 2005).

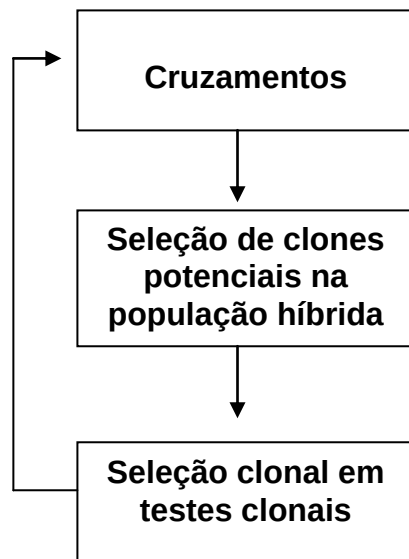


Figura 2. Esquema de SRI implícito para o melhoramento da cana-de-açúcar (Resende e Baborsa, 2005).

A seleção recorrente permite o aumento gradativo da frequência dos alelos favoráveis por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos melhores indivíduos das melhores progênies (Alard, 1971). Isso é relevante, dado que a maioria dos caracteres de importância agrônômica da cana-de-açúcar é controlada por vários genes. Portanto a probabilidade de um clone vir a possuir todos os alelos favoráveis é muito baixa, logo surge a importância da recorrência.

Dada a importância de explorar a capacidade geral e específica de combinação, é que se propõe aplicar a seleção recorrente recíproca (SRR) no melhoramento da cana-de-açúcar. Segundo Resende e Barbosa (2005), a SRR pode ser aplicada em dois níveis: (i) populacional, envolvendo o cruzamento de vários indivíduos de uma população com indivíduos da população recíproca; (ii) individual (SRRi) envolvendo apenas um indivíduo de cada população, os quais produzem um excelente cruzamento, com alto valor genotípico e também alta CEC. Tais indivíduos originários de cruzamento superior são autofecundados produzindo duas populações

S1 nas quais são selecionados indivíduos superiores para integrar um programa de seleção recorrente recíproca individual.

A SRRI usando S1 é indicada para o melhoramento da cana-de-açúcar, pois visa explorar o máximo da CEC a partir da identificação prévia dos melhores cruzamentos por meio dos experimentos de avaliação de famílias. O emprego de indivíduos endógamos selecionados em famílias S1 visa eliminar a carga genética da população e explorar por mais um ciclo a combinação híbrida superior identificada previamente (Resende e Barbosa, 2005).

Por fim, a fase final do processo seletivo é marcada pelo ensaios de competição, onde os clones selecionados nas fases anteriores são avaliados e comparados com cultivares elites em experimentos normalmente no delineamento blocos casualizados. Assim após avaliações por vários cortes, ambientes e anos de cultivo, finalmente os novos cultivares podem ser usados comercialmente (Barbosa et al., 2001; Barbosa et al., 2012; Silveira et al., 2013)

1.4. Avaliação e seleção de famílias

A seleção das famílias ocorre quando todos os indivíduos são selecionados ou rejeitados com base no desempenho médio da família (Falconer e Mackay, 1996). Assim a expectativa é de que as famílias selecionadas produzam uma elevada proporção de indivíduos com rendimento elevado em termos de produção, como por exemplo, toneladas de cana por hectare (Kimbeng e Cox, 2003; Cox e Hogarth, 1993). Especialmente para caracteres de baixa herdabilidade, a seleção de famílias tem se mostrado superior à seleção individual (Falconer e Mackay, 1996; Jackson e McRae, 1998). Esse procedimento vem sendo sugerido e intensamente utilizado especialmente por melhoristas da Austrália (Hogarth, 1971; Stringer et al., 2011).

Essa metodologia foi originalmente proposta para cana-de-açúcar por Hogarth (1971), em que o pesquisador destacou o potencial deste tipo de seleção frente à seleção individual, que vinha sendo praticada na época. Com o passar do anos, modificações foram proposta sempre buscando maximizar a eficiência no processo seletivo (Hogarth e Mullins, 1989; Cox e Hogarth, 1993; Resende e Barbosa, 2005; Bressiani et al., 2005; Atkin et al., 2009). O interesse pela seleção de famílias também pode ser verificado em outros países, como Indonésia (Sukarso, 1986),

Cuba (Ortiz e Caballero, 1989), África do Sul (Bond, 1989), Estados Unidos (Wu e Tew 1989; Tai e Miller 1989; Chang e Milligan 1992a, b) e Brasil (Barbosa et al., 2004, 2005; Bressiani et al., 2005; Barbosa et al., 2012).

As melhores estratégias a serem consideradas na fase inicial, em cana-de-açúcar, é a seleção massal, que deve ser realizada com alta intensidade apenas para os caracteres de alta herdabilidade, como Brix e resistência a doenças, ou a seleção de famílias para caracteres de baixas herdabilidades. No entanto, durante o processo de seleção visual, os melhoristas devem estar bastante familiarizados com a cultura, caso contrário, a seleção dos genótipos superiores não será eficiente (Berding et al. 2004; Stringer et al., 2011). A seleção visual ainda é bastante utilizada na avaliação de grandes populações, mas sua eficiência tem sido questionada (Frey, 1962; Tai, 1975; Dahiya et al., 1984; Falconer e Mackay, 1996). Bressiani (2001), enfatiza que a avaliação visual, na etapa de plantas individuais, deve ser considerada como um método de screening, com o objetivo apenas de eliminar os indivíduos realmente desfavoráveis.

Bressiani (2001) destaca que a seleção massal, para a maioria dos caracteres de importância econômica, é pouco eficiente, uma vez que cerca de 80% da variação observada, deve-se a fatores ambientais, e apenas os 20% restantes é devido a fatores genéticos. Em contraste, a seleção de famílias para estes caracteres deve ser efetiva, pois de 75% à 80% da variação fenotípica entre as famílias são devidos a fatores genéticos. Assim a seleção de famílias será mais eficiente que a massal quando a herdabilidade baseada nas médias de famílias for superior à herdabilidade com plantas individuais.

Com relação à base teórica para seleção de família, Skinner et al. (1987) mostraram que a herdabilidade no sentido amplo para produção de cana no estágio de plântula original era 0,17 ou menos com base individual, mas aumentou até 0,75 com base na família. Assim segundo Stringer et al. (2011), na seleção individual, a maior parte da variabilidade é devido aos efeitos ambientais. Consequentemente, ainda que se considere a experiência do selecionador, a seleção individual, para o caráter produção de colmos, não terá alta eficiência devido à forte influência dos efeitos ambientais. Por outro lado, quando as famílias são fenotipadas, a maioria das variações entre as famílias é devido a efeitos genéticos, deste modo as melhores

famílias podem ser selecionadas eficientemente. Quando os clones selecionados nas melhores famílias são plantados em parcelas maiores, aumenta-se a acurácia e eficiência experimental, assim a seleção individual torna-se mais confiável. Segundo Falconer e Mackay (1996), a eficiência da seleção de famílias baseia-se no fato de que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tendem a se anular. Dessa forma, o valor fenotípico médio da família aproxima-se do valor genotípico médio e as vantagens obtidas serão maiores quando os desvios do ambiente constituir em uma grande parte da variância fenotípica ou, em outras palavras, quando a herdabilidade for baixa.

Segundo Silva et al. (2002) a avaliação de famílias contribui para a evolução de um programa de melhoramento, pois possibilita maior entendimento e melhor exploração da variabilidade genética presente em progênie originadas de cruzamentos entre genitores conhecidos. Esse tipo de experimento permite estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos, predizer os valores genéticos aditivos em cruzamentos e as relações entre os caracteres em estudo, possibilitando, ainda, avaliar a eficiência dos métodos de seleção e estimar os progressos genéticos.

Estudos mostrando o potencial de famílias com valores genotípicos superiores, quando comparados com famílias de valores inferiores, evidenciam que a seleção com base nas melhores famílias é efetiva para identificar aquelas com maior proporção de clones elites (Kimbeng et al., 2001). Os experimentos de famílias não devem ser resumidos apenas para avaliação do cruzamentos per se, mas os resultados devem também ser utilizados para estimar o valor genético do clones envolvidos nos cruzamentos (Stringer et al., 2011). Stringer et al. (1996) e Barbosa et al., (2005) estudaram o método Melhor Preditor Linear não Viesado (BLUPs), e o desempenho dos genitores foi estimado a partir de ensaios de seleção de família. Stringer et al. (1996) desmostraram que o procedimento BLUP foi mais eficaz do que o algoritmo empírico anteriormente utilizado pelo programa de melhoramento da Austrália para identificar combinações superiores.

Barbosa et al. (2005) evidenciaram que alguns genitores tiveram maior importância nos cruzamentos realizados, mostrando que os melhores genitores podem ser combinados com outros genitores visando à identificação de cruzamentos com alto valor genotípico e elevada capacidade específica de combinação (CEC).

Barbosa et al. (2004), ao direcionarem a seleção para obter famílias especializadas na produção de biomassa via procedimento REML/BLUP, identificaram genitores com elevado efeito genético aditivo para a produção de colmo por hectare (TCH). O procedimento REML/BLUP é amplamente citado na literatura como a melhor metodologia para ser aplicada na seleção de famílias (e também eficiente na seleção clonal) por estimar os parâmetros genéticos e predizer os valores genotípicos de forma mais precisa (Resende, 2002; Piepho et al., 2008).

Assim, a seleção de famílias tem sido adotada em alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar, como método de seleção indireta de clones superiores em populações segregantes. A seleção de famílias será mais eficiente que a massal se ocorrer uma alta correlação genética entre o desempenho das famílias e dos seus clones (Falconer e Mackay, 1996; Bressiani, 2001; Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2005; Atkin et al., 2009; Pedrozo et al., 2011).

Frente ao exposto, parece razoável concluir que a seleção de famílias avaliadas via o procedimento REML/BLUP é uma ferramenta importante na identificação precoce dos melhores genótipos, sendo particularmente útil para características com baixa herdabilidade, pois ao contrário do clones na fase inicial do programa, estas podem ser repetidas em anos e locais, melhorando dessa forma as estimativas das médias, com adicional identificação de famílias mais estáveis.

1.5. Delineamento de cruzamentos

No melhoramento da cana-de-açúcar, partindo do cruzamento, passando pelas diferentes etapas seletivas, até o lançamento de uma nova variedade, são requeridos cerca de 12 a 15 anos. A avaliação de plantas individuais cultivadas a partir de sementes verdadeiras, constitui a primeira etapa, sendo as fases subsequentes e os cultivos comerciais constituídos a partir de material vegetativo. Durante o ciclo seletivo, oportunidades de recombinação sexual ou geração de nova variação genética não é muito comum. Dessa maneira o melhorista tem uma dependência da variação genética inicial intrínseca às populações e/ou a variação obtida por meio da hibridação. Nesse ponto, a escolha dos genitores para composição dos cruzamentos é uma das decisões mais importantes (Kimbeng e Cox, 2003; Stringer et al., 2011; Barbosa et al., 2012).

Os delineamentos de cruzamento referem-se aos tipos de progênies a serem avaliadas na população experimental e, portanto, relacionam-se com a eficiência seletiva. Os principais objetivos dos testes de progênies são a avaliação genética de genitores e a geração da população base para nova seleção (Resende, 2002). Diversos métodos têm sido propostos para auxiliar a escolha das melhores combinações parentais para gerar populações segregantes superiores, dentre os quais, destacam-se os cruzamentos dialélicos. Cruzamentos dialélicos são largamente utilizados no melhoramento de plantas, quer seja no sentido de fornecer informações a respeito da capacidade de combinação e heterose em cruzamentos, ou por permitir a predição de cruzamentos e compostos (Hallauer e Miranda Filho 1995; Resende, 2007; Cruz et al., 2012). Como esse esquema envolve um grande número de cruzamentos, adaptações foram propostas, como é o caso do modelo de dialélico parcial circulante, sugerido por Kempthorne e Curnow (1961).

Os cruzamentos dialélicos propostos por Sprague e Tatum (1942), objetivam estimar a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). A CGC refere-se ao desempenho médio de uma cultivar ou um clone em combinações híbridas, ao passo que a CEC é usada para designar aqueles casos em que certas combinações híbridas são melhores ou piores que o esperado, com base no desempenho médio de cultivares ou clones envolvidos. A CGC está associada a genes de efeitos principalmente aditivos, além dos efeitos epistáticos aditivos x aditivos. Por sua vez a CEC depende, basicamente, de genes com efeitos dominantes e de vários tipos de interações (Cruz et al., 2012).

Os delineamentos de cruzamento são extremamente importantes no contexto das estratégias de melhoramento genético. Considerando os objetivos dos testes de progênies, quais sejam: (i) avaliar o valor genético dos progenitores; (ii) estimar os parâmetros genéticos; (iii) predizer os ganhos genéticos realizados; e (iv) gerar populações-base para novas seleções, os delineamentos devem ser definidos com base nesses objetivos (Resende, 2002)

Para a avaliação da CGC, um número de três a quatro cruzamentos com outros genitores tem sido sugerido como adequado (Resende e Barbosa, 2005). Contudo, os seguintes requisitos devem ser observados na geração de uma população-base adequada: (i) grande número de indivíduos e razoável número de

cruzamentos propiciando uma alta intensidade de seleção; (ii) possibilidade de gerenciamento do parentesco entre indivíduos, por meio de informações de genealogia geradas por 20 cruzamentos controlados; (iii) grande tamanho efetivo da população; e (iv) garantia de que cada genitor não tenha sido cruzado apenas com genitores bons ou ruins. Por esses aspectos que o uso de delineamentos de cruzamentos são altamente desejáveis (Resende, 2002; Berding et al., 2004; Resende e Barbosa, 2005).

Resende (2002) discute e apresenta as principais características, relacionando as vantagens e desvantagens de alguns tipos de delineamentos de cruzamento. Considerando a eficiência e facilidade operacional, Resende e Barbosa (2005) apresentam o emprego do delineamento dialélico parcial, o fatorial desconexo e o meio dialélico desconexo, no melhoramento de plantas propagadas sexualmente. Abordagens mais completas referentes aos métodos de seleção são descritas por Burdon e Buijtenen (1990), Resende (2002), Resende e Barbosa (2005).

Burdon e Shelbourne (1971) e Buijtnen (1976), sugerem que a utilização eficiente de diferentes delineamentos de cruzamento, para a seleção de genitores e seleção de indivíduos nos testes de progênie, pode ser obtida pelo emprego de dois ou mais delineamentos complementares. Segundo Vencovsky e Barriga (1992) esquemas de cruzamento entre dois conjuntos distintos de genótipos, podem ser considerados como um dialelo parcial ou, mais adequadamente, como um delineamento genético fatorial. Esse é caracterizado pelo cruzamento de dois ou mais testadores com um conjunto de materiais, e também permite obter as capacidades geral e específica de combinação.

Silva et al. (2002) relatam a importância em se avaliar a capacidade de combinação, pois genitores que possuem alta CGC, explicado pelos efeitos aditivos, poderiam ser recomendados, dentro de um programa de melhoramento, principalmente em cruzamentos denominados policruzamentos, devido ao não conhecimento da procedência do pólen. Assim, utilizando um genitor com efeito genético aditivo alto, haveria maior chance de obter uma progênie superior e, conseqüentemente, maior probabilidade de obter genótipos elites. Genitores que possuem alta CEC seriam indicados em cruzamentos biparentais. Porém, na prática nota-se que para alguns caracteres, há significância na capacidade específica de

combinação, enquanto para outros há significância para a capacidade geral de combinação dos genitores.

Em cana-de-açúcar, a utilização de cruzamentos dialélicos apresenta dificuldades, seja devido à incompatibilidade entre alguns clones quando cruzados ou diante da necessidade de se obter grande quantidade de cruzamentos. Outro problema é a ocorrência de autofecundação, uma vez que os métodos de emasculação artificial não são totalmente eficientes. A sincronia do florescimento também tem sido descrita como um problema para que as combinações desejadas sejam obtidas. Uma alternativa poderia ser os chamados fatoriais desconexos conforme descrito por Burdon e Buijtenen (1990) e Resende e Barbosa (2005).

Resende e Barbosa (2005), apresentam o emprego dos delineamentos de cruzamentos para implementar um programa de seleção recorrente recíproca (SRR) visando o melhoramento contínuo do híbrido através dos ciclos seletivos bem como as seleções imediatas dos clones superiores. O uso destes delineamentos devem ser analisados sob quatros aspectos; i) eficiência na avaliação da capacidade geral de hibridação dos genitores; ii) possibilidade de identificação de cruzamentos superiores (seleção de famílias de irmãos completos); iii) eficiência da seleção de clones na população híbrida; iv) capacidade de avaliação de um grande número de genitores, fato que é favorável em termos de intensidade de seleção e tamanho efetivo populacional e, portanto em termos de ganho genético acumulado com as gerações de seleção.

Ainda segundo Resende e Barbosa (2005) os delineamentos mais adequados para atender os aspectos apresentados anteriormente, seria o de policruzamento (progênies de meios irmãos interpopulacionais), o de pares simples (progênies de irmãos completos interpopulacionais), o fatorial desconexo (progênies de meios irmãos e de irmãos completos interpopulacionais) e o dialélico parcial circulante. Com destaque ao fatorial desconexo, por permitir a avaliação de maior número de genitores.

Alguns trabalhos baseados em informações extraídas de delineamento de cruzamentos em cana relatam que a CGC é mais importante que a CEC para a maioria dos caracteres de valor econômico, com destaque para teor de açúcar, conteúdo de fibra, resistência a doenças tais como carvão e ferrugem. A principal

exceção é a tonelada de colmos por hectare, em que ambas as variâncias têm apresentado valores similares (Hogarth et al., 1981; Hogarth et al., 1991). Por outro lado, Miller (1977) relata que para os caracteres massa média de colmos, número de colmos, diâmetro de colmos, Brix, toneladas de colmos por hectare e toneladas de açúcar por hectare, não houve diferença significativa da CGC.

Admitindo a CGC para diversas características em cana-de-açúcar, isso implica selecionar os genitores com base em seu desempenho. De outra forma, como a CEC tem-se mostrado tão importante quanto a CGC na expressão da características de valor econômico tal como toneladas de colmos por hectare, torna-se pouco provável predizer com precisão o desempenho dos cruzamentos. Nesse caso, grande número de cruzamentos deveria ser realizado e avaliado em experimentos com repetição para identificar as melhores famílias e prosseguir com a seleção em nível de indivíduos para obtenção dos clones (Bastos et al., 2003).

1.6. Seleção via REML/BLUP

A seleção pode ser definida como a reprodução diferencial dos diferentes genótipos na natureza (seleção natural) ou aquela promovida pelo homem (seleção artificial), promovendo a alteração das frequências alélicas nos locos que controlam o caráter sob seleção, e modificando a média genotípica da população. Na seleção artificial, atua-se em duas etapas básicas: (i) a predição do valor genético dos indivíduos; e (ii) a decisão sobre como utilizar os indivíduos que apresentam os maiores valores genéticos aditivos preditos (Alard, 1971; Resende, 2002).

O Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é, atualmente, o método padrão para a estimação dos componentes de variância, a partir de dados não balanceados em espécies perenes. Resende (2004) fornece os estimadores para os componentes de variância associados aos modelos estatísticos para diferentes delineamentos experimentais, associados aos vários delineamentos de cruzamentos (meios irmãos, dialélicos e outros). Máxima verossimilhança restrita (REML) e Melhor preditor linear não viesado (BLUP) são consideradas como uma das melhores ferramentas para se obter estimativas confiáveis de componentes de variância e valores estimados em melhoramento de plantas perenes, onde os dados são normalmente desequilibrados (Resende, 2002; Piepho et al., 2008).

O procedimento BLUP segundo Piepho et al., (2008) tem sido usado rotineiramente no melhoramento animal para estimar os valores genéticos aditivos dos indivíduos, e mais recentemente amplamente adotado no melhoramento de plantas. Em cana-de-açúcar vem sendo utilizado com sucesso na seleção de famílias e genitores (Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2004; Barbosa et al., 2005; Athink et al., 2011). Os procedimentos de predição de valores genéticos aditivos assumem que os parâmetros genéticos são conhecidos, sendo as propriedades dos preditores somente são asseguradas nestas condições (Henderson, 1984). Entretanto, tais parâmetros são estimados e, portanto, devem ser obtidos com a maior precisão possível para que as estimativas possam substituir adequadamente os valores paramétricos (Searle et al., 1992; Resende, 2004).

Os valores genéticos aditivos são variáveis aleatórias não observáveis, preditas a partir dos valores fenotípicos observáveis. A sua predição, que pode ser feita de forma pontual ou intervalar, deve ser precisa e acurada, para que os ganhos preditos sejam mais próximo do real. A predição pontual fornece os valores genéticos aditivos preditos, ao passo que a intervalar inclui os intervalos de confiança dos valores e dos ganhos genéticos, propiciando uma recomendação mais segura dos indivíduos envolvidos e, portanto, deve ser preferencial (Resende, 2004; Piepho et al., 2008). A predição dos valores genéticos aditivos por meio do procedimento REML/BLUP tem sido aplicado no melhoramento genético da cana-de-açúcar na UFV, especialmente em experimentos de seleção de famílias (Barbosa et al., 2005; Pedrozo, 2006; Silva, 2009; Carvalho, 2012).

O método REML associado à metodologia de modelos mistos (BLUP) é uma ferramenta flexível para a estimação de parâmetros genéticos, pois apresenta maior eficiência ao acesso à informação sobre parâmetros genéticos. Com maior precisão na predição dos efeitos aditivos e genotípicos, esse procedimento contribui diretamente na seleção dos indivíduos com melhor desempenho e, conseqüentemente, para uma maior taxa de ganho genético (Resende, 2002; Piepho et al., 2008).

Além da predição mais precisa do mérito genético, o BLUP possibilita a inclusão do coeficiente de endogamia para todos os indivíduos avaliados, desde que toda a informação de parentesco seja conhecida. Quando se dispõe de pouca ou

nenhuma informação sobre o indivíduo, informações de parentes podem contribuir para a predição do valor genético. A magnitude dessa contribuição é determinada pelo grau de parentesco (similaridade) entre os indivíduos envolvidos na análise, onde, quanto maior for o grau de relacionamento genético maior será esta contribuição.

Matrizes de similaridade genética obtidas por marcadores moleculares ou coeficiente de parentesco podem ser eficientemente utilizadas. O uso da informação de pedigree pode ser empregada, para modelar e explorar correlação genética entre parentes. Os coeficientes de similaridade são medidas que quantificam o quanto dois indivíduos são parecidos (Henderson, 1984; Bernado, 1994; Piepho et al., 2008). Segundo Bernardo (1994), a utilização da informação de marcadores moleculares é uma alternativa viável, desde que não se disponha de informações confiáveis da genealogia dos genótipos avaliados, o que normalmente ocorre na prática.

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Allard, E.W. (1971) Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 381 p.

Atkin, F.C.; Dieters, M.J.; Stringer, J. (2009) Impact of depth of pedigree and inclusion of historical data on the estimation of additive variance and breeding values in a sugarcane breeding program. *Theoretical and Applied Genetics* 119(3): 555-565.

Bailey, R.A. (2004) Diseases. In: G. James (editor): Sugarcane: Second Edition. Blackwell Publishing: 54-77.

Barbosa, G.V.S.; Cruz, M.M.; Soares, L.; Rocha, A.M.C.; Ribeiro, C.A.G.; Sousa, A.J.R.; Lopes, J.; Ferreira, C.; Barreto, E.J.S.; Silva, W.C.M.; Santos, A.V.P. (2002) A brief report on sugarcane breeding program in Alagoas, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 2, n. 4, p. 613-616.

Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Bressiani, J.A.; Silveira, L.C.I.; Peternelli, L.A. (2005) Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 5, p. 1-8.

Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Dias, L.A.S.; Barbosa, G.V.S.; Oliveira, R.A.O.; Peternelli, L.A.; Daros, E. (2012) Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* S2: 87-98.

Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Peternelli, L.A.; Bressiani, J. A.; Silveira, L.C.I.; Silva, F.L.; Figueiredo, I.C.R. (2004) Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 4, p. 218-226.

Barbosa, M.H.P.; Silveira, L.C.I.S.; Oliveira, M.W.O.; Souza, V.F.M.; Ribeiro, S.N.N. (2001) RB867515 Sugarcane cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 1, n. 4, p. 437-438.

Berding, N.; Hogarth, M.; Cox, M. (2004) Plant improvement of sugarcane. p. 20–53. In J. Glyn (ed.) Sugarcane. Blackwell Science Ltd., Oxford.

Bernardo, R. (2008) Molecular markers and selection for complex traits in plants: Learning from the last 20 years. *Crop Science* 48: 1649 – 1664.

Bernardo, R. 1994. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. *Crop Sci.* 34:20-25.

Bond, R.S. (1989) Observations on family selection in the Mount Edgecombe, Durban sugarcane breeding programme. Proceedings of the South African Sugar Cane Technologists' Association, 63, 132–135.

Borges, V.; Ferreira, P.V.; Soares, L.; Santos, G.M.; Santos, A.M.M. (2010) Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. Acta Scientiarum Agronomy 32: 643-649.

Bressiani, J.A.; Vencovsky, R.; Burnquist, W.L. (2005) Modified Sequential Selection in sugarcane. In: Proceedings of international society of sugarcane technologists. ISSCT, Guatemala. P Modified. 459-467.

Bressiani, J.A. (2001) Seleção sequencial em cana-de-açúcar. 104p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.

Bressiani, J.A. (2002) Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. Bragantia, Campinas, v.61, n.1.

Buijtenen, J.P. van. (1976) Mating designs. In: Iufro Conference On Advanced Generation Breeding, 1976, Bordeaux. Proceeding. Bordeaux: IUFRO, 1976. p. 11-27.

Burdon, R. D.; Shelbourne, C. J. A. Breeding populations for recurrent selection: conflicts and possible solutions. New Zeland Journal of Forest Science, v. 1, p. 174-193, 1971.

Carvalho, M.P. (2012) Efficiency of among and within family selection in plant breeding through simulation. Tese de doutorado. Viçosa. UFV. 56p

Cesnik, R.; Miocque, J. (2004) Melhoramento da cana-de-açúcar. Brasília, DF: Embrapa, 307p.

Chang, Y.S.; Milligan, S.B. (1992a) Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. Theoretical. and Applied Genetics, 84, 662–671.

Chang, Y.S.; Milligan, S.B. (1992b) Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using bivariate prediction methods. Theoretical and Applied Genetics, 84, 633–639.

Chapola, R.G.; Hoffmann, H.P.; Bassinello, A.I.; Fernandes, A.R.; Vieira, M.A.S. (2011) Censo Varietal 2010 de cana-de-açúcar nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul. STAB, v. 29, n.3.

Comstock, R.E.; Robinson, H.F.; Harvey, P.H. (1949) A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal* 41:360-367.

Comstock, R.E. e Robinson, H.F. (1948) The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira de Cana-de-açúcar Safra 20010/2011. Brasília, (2011). Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. (Acesso em maio de 2011).

Cox, M.C. e Hogarth, D.M. (1993) Progress and changes in the South Queensland Variety Development Program. *Proceedings International Society Sugarcane Technologists* 15:251-255.

Cox, M.C.; Stringer, J.K. (1998) Efficacy of early generation selection in a sugarcane improvement program. *Proceedings Australian Society Sugarcane Technologists* 20: 148- 153.

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Editora UFV, Viçosa.

Dahiya, B.S.; Waldia, R.S.; Kaushik, L.S.; Solanki, I.S. (1984) Early generation yield testing versus visual selection in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v.68, p.525-529.

Daniels, J.; Roach, B.T. (1987) Taxonomy and evolution. p.7-84. In Heinz, D.J. (ed.) *Sugarcane improvement through breeding*. Elsevier, Amsterdam.

D'Hont A. (1994) A molecular approach to unravelling the genetics of sugarcane, a complex polyploidy of the Andropogoneae tribe. *Genome*. 37:222-230.

Ethirajan, A.S. (1987) Sugarcane hybridization techniques. In: *Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop*, Piracicaba-SP, Brazil.

Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. Edinburgh : Longman Group Limited. 464p.

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

Furlani, R.C.M.; Moraes, M.L.T.; Resende, M.D.V.; Furlani Junior, E.; Gonçalves, P.S.; Valério Filho, W.V.; Paiva, J.R. (2005) Estimation of variance components and

prediction of breeding values in rubber tree breeding using the REML/BLUP procedure. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v.28, n.2, p.271-276.

Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal Biological Science* 9:463-493.

Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.B. (1995) Quantitative genetics in maize breeding. 2nd ed. Iowa State Univ. Press, Ames.

Heffner, E.L., Sorrells, M.E. and Jannink, J.L. (2009) Genomic selection for crop improvement. *Crop Science* 49: 1 – 12.

Henderson, C.R. (1984) Applications of linear models in animal breeding. Guelph: University Guelph. 439 p.

Hogarth D.M.; Cox M.; Bull, J.K. (1997) Sugarcane improvement: past achievements and future prospects. In : Crop improvement for the 21 st century, chapter 3 : 29-56.

Hogarth, D.M.; Berding, N. (2006) Breeding for a better industry: Conventional breeding. *Sugarcane International* 24 Number 2: 26 – 31.

Hogarth, D.M.; Mullins, R.T. (1989) Changes in the BSES plant improvement program. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologist* 20: 956 – 961.

Hogarth, D.M.; Wu, K.K.; Heinz, D.J. (1981) Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross design. *Crop Science* 21, 21 – 25.

Jackson P.A. (2005) Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crops Research*. 92: 277-290.

Jackson, P.A.; McRae, T.A. (1998) Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. *Field Crops Res.* 59, 151–162.

Jackson, P.A.; Mcrae, T.A.; HOGARTH, D.M. (1995a) Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. *Field Crops Research*, Amsterdam, v.43, n.2/3, p.109-118.

Jackson, P.A.; Mcrae, T.A.; HOGARTH, D.M. (1995b) Selection of sugarcane families across variable environments. II. Patterns of response and association with environmental factors. *Field Crops Research*, Amsterdam, v.43, n.2/3, p.119-130.

Kempthorne, O.; Curnow, R.N. (1961). The partial diallel cross. *Biometrics* 17: 229-250.

Kimbeng, C.A.; Cox, M.C. (2003) Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. *Journal American Society of Sugarcane Technologists*. 23:20-39.

Kimbeng, C.A.; Froyland, D.; Appo, D.; Corcoran, A.; Hetherington, M. (2001) An appraisal of early generation selection in sugarcane breeding. *Proc ISSCT, South Brisbane*, v.24 p.488-493.

Leite, L.S.O. (2007) Tamanho da amostra para seleção de família de cana-de-açúcar. Viçosa: UFV. 2007. 51p (Dissertação).

Leslie, G. (2004) Pests of sugarcane. In: G. James (editor): *Sugarcane: Second Edition*. Blackwell Publishing: 78 – 100.

Mapa - Ministério da Agricultura e Pecuária (2012a) Anuário Estatístico da Agroenergia 2010. Secretaria de Produção e Agroenergia. Departamento de Cana-de-açúcar e Agroenergia. Segunda edição. Acessado em 10/12/12. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/desenvolvimento-sustentavel/agroenergia/estatistica>

Mapa - Ministério da Agricultura e Pecuária (2012b) Produção brasileira de cana-de-açúcar, açúcar e etanol. Ministério da Agricultura e Pecuária. Secretaria de Produção e Agroenergia. Departamento de Cana-de-açúcar e Agroenergia. Acessado em 10/12/12. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/desenvolvimento-sustentavel/agroenergia/estatistica>

Matsuoka, S.; Garcia, A.A.F.; Calheiros, G.C. (1999) Hibridação em cana-de-açúcar. In: Borém A (ed) *Hibridação Artificial de Plantas*. Viçosa: Editora UFV, 221–254.

Meyer, K. (1991) Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. *Genetics*. 23: 67 | 83.

Miller, J.D. (1977) Combining ability and yield component analysis in a five parent diallel cross in sugarcane. *Crop Science*.17, 545-547.

Milligan, S.B.; Martin, F.A.; Bischoff, K.P.; Quebedeaux, J.P.; Dufrene, E.O.; Quebedeaux, K.L.; Hoy, J.W.; Reagan, T.E.; Legendre, B.L.; Miller, J.D. (1994) Registration of 'LCP85-384' sugarcane. *Crop Science* 34: 819 – 820.

Moore, P.H. (1987) Breeding for stress resistance. 503-542. In DJ Heinz. *Sugarcane Improvement through Breeding*. Elsevier.

Moore, P.H.; Nuss, K.J. (1987) Flowering and flower synchronization. In: Heinz DJ, editor. *Sugarcane improvement through breeding*. Amsterdam: Elsevier. pp. 273–311.

- Mukerjee, S.K. (1957) Origin and distribution of *Sachharum*. Bot. Gaz. 119: 55-61.
- Ortiz, R.; Caballero, A. (1989) Effectiveness of early sugarcane selection procedures in Cuba. Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists, 20, 932–937.
- Pedrozo, C.A. (2006) Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar. Dissertação de Mestrado. Viçosa. UFV. 109p.
- Pedrozo, C.A.; Barbosa, M.H.P.; Silva, F.L.; Resende, M.D.V.; Peternelli, L.A. (2011) Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. Euphytica (Wageningen), v. 181, p. 01-08.
- Piepho, H.P.; Möhring, J.; Melchinger, A.E.; Büchse, A. (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. Euphytica 161:209–228.
- Resende, M. D. V. (2004) Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas. 60 p. (Embrapa Florestas Documentos 100).
- Resende, M. D. V.; Barbosa, M. H. P. (2006) Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. Pesquisa Agropecuária Brasileira: Brasília, v.41, n.3, p.421-429.
- Resende, M. D. V.; Barbosa, M. H. P. (2005) Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada. Embrapa Informação Tecnológica: Colombo. 130p.
- Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975 p.
- Resende, M.D.V. (2007) Selegen-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 360p.
- Roach B.T. (1984) Conservation and use of the genetic resources of sugarcane. Sugarcane. 2: 7-11.
- SAS Institute. (2007) The SAS system for Windows version 9.1.3. SAS Inst., Cary, NC.
- Searle, S.R.; Casella, G.; McCulloch, C.E. (1992) Variance components. New York: J. Wiley, 528 p.

Silva, F.L. (2009) Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado. Tese de doutorado. Viçosa. UFV. 65p.

Silva, M.A.; Landell, M.G.A.; Gonçalves, P.S.; Martins, A.L.M. (2002) Yield components in sugarcane families at four locations in the state of São Paulo, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.2, n.1. p.97-106.

Silveira, L.I.; Kist, V.; De Paula, T.O.M.; Barbosa, M.H.P.; OLIVEIRA, R.A.; Daros, E. (2012) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana de açúcar no estado de Minas Gerais. *Ciência Rural* (UFSM. Impresso), v. 42, p. 587-593.

Silveira, L.I.; Kist, V.; De Paula, T.O.M.; Barbosa, M.H.P.; Peternelli, L.A.; Daros, E. (2012) Ammi analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. *Scientia Agrícola* (USP. Impresso), v. 70, p. 27-32.

Sprague, G.F.; Tatum, L.A. (1942). General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *J. Am. Soc. Agron.* 34: 923-932.

Sreenivasan, T.V.; Ahloowalia, B.S.; Heinz, D.J. (1987) Cytogenetics. In: *Sugarcane improvement through breeding* (Heinz D. J., ed.), Elsevier, Amsterdam, pp. 211-253.

Stringer, J.K.; Cox, M.C.; Atkin, F.C.; Wei, X.; Hogarth, D.M. (2011) Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. *Sugar Tech* 13(1):36–41

Stringer, J.K.; McRae, T.A.; Cox, M.C. (1996) Best linear unbiased prediction as a method of estimating breeding value in sugarcane. p.39-41. In: Wilson, J.R.; Hogarth, D.M.; Campbell, J.A.; Garside, A.L. (Ed.). *Sugarcane: Research towards efficient and sustainable production*. CSIRO Divison of Tropical Crops and Pastur, Brisbane.

Sukarso, G. (1986) Assessment of family selection on original seedlings of sugarcane at Pasuruan. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists*, 19, 440–446

Tai, G.C.C. (1975) Effectiveness of visual selection for early clonal generation seedling of potato. *Crop Science*, Madison, v.15, n.1, p.15-18.

Tai, P.Y.P.; Miller, J.D. (1989) Family performance at early stages of selection and frequency of superior clones from crosses among Canal Point cultivars of sugarcane. *Journal of the American Society Sugar Cane Technologists*, 9, 62–70.

União das Indústrias de Cana-de-açúcar (UNICA). Acessado em: 10/12/2012. Disponível em: <http://www.unicadata.com.br/>

Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496 p.

Vieira, M.C.A. (2007) Setor Sucroalcooleiro Brasileiro: Evolução e Perspectivas. Acessado em 10/12/12. Disponível em: http://www.bndes.gov.br/SiteBNDES/export/sites/default/bndes_pt/Galerias/Arquivos/conhecimento/liv_perspectivas/07.pdf

Walker, D.I.T. (1987) Breeding for disease resistance. 455 – 502. In. Heinz, D.J. Sugarcane Improvement Through Breeding. Elsevier.

White, W.H.; Legendre, B.L.; Miller, J.D. (1996) Progress in breeding for sugarcane borer resistance. Sugar Cane 5: 3 – 7.

Wu, K.K.; Tew, T.L. (1989) Evaluation of sugarcane crosses by family yields. Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists, 20, 925–931.

Zhou, M.M. (1996) The potential of new sugarcane varieties released by the ZSA Experiment Station in South East Lowveld of Zimbabwe. Proceedings of the South African Sugarcane Technologists Association 70: 111-113.

Zhou, M.M. (2004) Performance of varieties N14 and NCo376 in the South East Lowveld of Zimbabwe. Proceedings of the South African Sugarcane Technologists Association 78: 153 – 160.

CAPÍTULO 2

GRUPOS HERÓTICOS E SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM CANA-DE-AÇÚCAR

RESUMO

O objetivo deste estudo foi identificar grupos heteróticos em cana-de-açúcar e assim tornar possível explorar de maneira efetiva tanto os efeitos não aditivos quanto aditivos via seleção recorrente recíproca. Objetivou-se ainda à estimação de parâmetros genéticos e a seleção de cruzamentos e genitores. Foram avaliadas 80 famílias de cana-de-açúcar obtidas a partir de famílias de 38 clones em um esquema denominado fatorial desconexo. As famílias foram divididas em três experimentos, no delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições. A análise genético-estatística foi realizada pelo método REML/BLUP. Os resultados revelaram que os efeitos não-aditivos foram predominantes para explicar a variação genética para os caracteres toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibra por hectare (TFH). Para os caracteres brix, fibra e Pol da cana corrigido (PCC) o efeito predominante foi o aditivo. As estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) permitiram a formação de dois grupos heteróticos que poderão ser utilizados na seleção recorrente recíproca. A predição dos valores genéticos aditivos dos genitores, para fins de seleção com base no comportamento das progêies obtidas via fatorial desconexo, é uma alternativa que deve ser utilizada junto aos programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

ABSTRACT

The aim of this study was to identify heterotic groups in sugarcane and make possible to explore effectively the non-additive as well additive effects by reciprocal recurrent selection. Another aims were estimate genetic parameters and selection of crosses and parents. It was evaluated 80 families of sugarcane obtained from crosses between 38 clones by scheme called disconnected factorial. Families were organized into a group of three trials, in randomized block design with five replications. The trials were planted side by side in the same area. The genetic-statistical analysis was performed by REML/BLUP. The results showed predominance of non-additive effects to explain the genetic variation for tons of stalks per hectare (TSH), tons pol per hectare (TPH) and tons of fiber per hectare (TFH). The additive effect was predominant for brix, fiber and in the sugar cane juice (PCC). Estimates of specific combining ability (SCA) allowed two heterotic groups that may be used in reciprocal recurrent selection. The prediction of the breeding values of parents by disconnected factorial, is an alternative that should be used in sugarcane breeding programs.

1. Introdução

A escolha das combinações parentais que irão gerar as populações segregantes a serem submetidas à seleção, é sempre um grande desafio para os melhoristas de plantas. Mas para que um programa de melhoramento seja eficiente, é desejável que o germoplasma seja organizado em grupos heteróticos. O termo grupo heterótico refere-se a um grupo de genótipos relacionado ou não, oriundos de populações semelhantes ou diferentes, mas que apresentam capacidade de combinação e resposta heterótica quando cruzados com genótipos de outros grupos geneticamente distintos (Melchinger e Gumber, 1998; Reif et al., 2007).

Os delineamentos de cruzamentos são empregados nesse contexto, mas apresentam limitações principalmente devido a necessidade de se obter grande quantidade de cruzamentos (Resende, 2002). No caso da cana-de-açúcar, a sincronia do florescimento também tem sido um problema para que as combinações desejadas sejam obtidas. Uma alternativa é o emprego do fatorial desconexo (Burdon e Buijtenen, 1990), pois oferece ao melhorista flexibilidade quanto ao número de cruzamentos a serem obtidos por genitores. Outras vantagens desse esquema de cruzamento são: i) possibilidade de identificação de cruzamentos superiores, ii) eficiência na seleção de clones na população híbrida, e iii) capacidade de avaliação de um grande número de genitores (Resende e Barbosa, 2005).

No fatorial desconexo preconiza-se a formação de pequenos grupos de cruzamentos, normalmente 3x3 ou 4x4, maximizando desta forma o número de genitores a serem avaliados em um único experimento (Burdon e Buijtenen, 1990). Dados desbalanceados são comuns nesses casos, sendo assim para obter estimativas confiáveis de componentes de variância e valores genéticos aditivos e genotípicos estimados, a metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML) e Melhor preditor linear não viesado (BLUP) são consideradas as melhores ferramentas estatísticas (Resende, 2002; Piepho et al., 2008). Piepho et al. (2008) sugere a aplicação do BLUP no melhoramento de plantas, incluindo a informação de pedigree para explorar correlações genéticas entre parentes e obter estimativas mais acuradas.

O conhecimento de natureza e magnitude da variabilidade presente nas populações em melhoramento é de grande importância. Parâmetros tais como

variância fenotípica e variância genotípica e seus componentes divididos em aditivo e dominante, herdabilidade restrita e ampla, são relevantes, pois permitem escolher os cruzamentos, prever ganho genéticos e ainda definir as melhores estratégias para condução da população segregante (Hogarth et al., 1981; Falconer e Mackay, 1996).

Na cultura da cana-de-açúcar, apesar de reconhecido o potencial uso da Seleção Recorrente Recíproca-SRR, com o objetivo de explorar tanto os efeitos não aditivos quanto aditivos para os caracteres de valor econômico (Barbosa et al., 2012), até o presente, não foi observado nenhuma publicação voltada à obtenção de grupos heteróticos com vista a dar suporte a este sistema seletivo. Alguns trabalhos baseados em informações extraídas de delineamento de cruzamentos em cana, relatam que a CGC é mais importante que a CEC para a maioria dos caracteres de valor econômico, com destaque para teor de açúcar, conteúdo de fibra, resistência a doenças tais como carvão e ferrugem. A principal exceção é a tonelada de colmos por hectare, em que ambas as variâncias têm apresentado valores similares (Wu et al., 1980; Hogarth et al., 1981; Hogarth et al., 1991; Bressiani et al., 2002; Bastos et al., 2003; Barbosa et al., 2004; Barbosa et al., 2005).

Segundo Resende e Barbosa (2005), a SRR pode ser aplicada em dois níveis: (i) populacional, envolvendo o cruzamento de vários indivíduos de uma população com indivíduos da população recíproca; (ii) individual (SRRI) envolvendo apenas um indivíduo de cada população, os quais produzem um excelente cruzamento, com alto valor genotípico e também alta CEC. No primeiro caso, há limitação para seu uso no melhoramento da cana-de-açúcar, uma vez que a etapa de recombinação seria prejudicada pela falta de sincronismo de florescimento dos indivíduos a serem recombinados. Já para o último caso, sugere-se que tais indivíduos originários de cruzamento superior sejam autofecundados para produzir populações S1, nas quais seriam selecionados indivíduos superiores para integrar um programa de seleção recorrente recíproca individual.

Nesse contexto, este trabalho foi proposto como primeiro esforço para identificar grupos heteróticos em cana-de-açúcar, a fim de assim tornar possível explorar de maneira efetiva tanto os efeitos não aditivos quanto aditivos envolvidos na expressão de caracteres de importância para cultura. Objetivou-se ainda à estimação de parâmetros genéticos e a seleção de cruzamentos e genitores.

2. Material e métodos

2.1. Detalhes experimentais

Foram avaliadas 80 famílias de irmãos completos em cana-de-açúcar, em um experimento conduzido no Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar (CECA) da Universidade Federal de Viçosa (UFV). O CECA está localizado no município de Oratórios, Estado de Minas Gerais (MG) (lat 20° 25 'S, desde 42° 48 'W, a LT 494 m de altitude, solo tipo I LVe).

As sementes foram obtidas a partir de cruzamentos realizados em 2009 na Estação de Floração e Cruzamentos Localizada na Serra do Ouro (Barbosa et al., 2002), município de Murici – Alagoas, situada a latitude 9°13'S, longitude 35°50' W e a 450-500 m de altitude. Foram inter cruzados 38 clones (Tabela 1) em um esquema denominado fatorial desconexo (Burdon e Buijtenen, 1990; Resende e Barbosa, 2005), gerando 80 famílias de irmãos completos. Para evitar a auto-polinização, todas as inflorescências usadas como feminino foram emasculados com água quente (Machado Júnior et al.,1995).

Os genitores utilizados nos cruzamentos foram selecionados no banco de germoplasma da Estação de Cruzamentos da Serra do Ouro em Murici no Estado de Alagoas conforme explicado por Barbosa (2001), empregando medidas de dissimilaridades genéticas obtidas pelo inverso do coeficiente de Malecot e utilizando informação de experimentos de famílias conduzidos anteriormente. Cultivares nacionais e clones elites foram prioritariamente empregados nos cruzamentos. Assim 38 genitores foram inter cruzados em blocos de 3 x 3 (fatorial desconexo) conforme Anexo 1, garantindo que os genitores estivessem envolvidos em pelo menos três cruzamentos. Alguns cruzamentos não foram obtidos, devido problemas durante a germinação ou pela presença de macho esterilidade.

As sementes foram colocadas para germinar em Agosto de 2009 e as mudas plantadas em campo em fevereiro de 2010. Os tratamentos (famílias de irmãos completos) foram organizados em um grupo de três experimentos, no delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, plantados de forma adjacente na mesma área (Anexo 2). Um dos experimentos foi composto por 24 tratamentos, e os outros dois foram compostos por 28 tratamentos cada um. As parcelas foram representadas por dois sulcos espaçados de 1,40m, sendo cada um composto por

10 plantas equidistantes 0,5m. Para a adubação de plantio utilizou-se 500 kg/ha do formulado 6-30-24.

Tabela 1 - Relação dos 38 Clones utilizados nos cruzamentos e seus respectivos parentais

Clones	Parentais		Clones	Parentais	
	Feminino	Masculino		Feminino	Masculino
1	RB00503	?	20	RB965586	RB835486
2	RB008296	SP80-1816	21	RB965624	RB785148
3	RB008304	SP80-1816	22	RB965635	RB83102
4	RB011685	?	23	RB965650	RB785554
5	RB01461	?	24	RB965688	RB855589
6	RB845210	RB72454	25	RB965911	RB855546
7	RB855046	SP70-1143	26	RB966920	RB855156
8	RB855156	RB72454	27	RB979505	?
9	RB855536	SP70-1143	28	RB98710	RB93509
10	RB855589	SP70-1143	29	RB987915	RB72454
11	RB865398	RB735275	30	RB99382	RB867515
12	RB867515	RB72454	31	RB99386	RB835205
13	RB877603	F150	32	RB99395	RB867515
14	RB925211	RB855206	33	RB997984	RB86552
15	RB92579	RB75126	34	RB998118	RB835486
16	RB928064	SP70-1143	35	RB998369	SP82-6108
17	RB946015	RB855511	36	SP70-3370	CB53-17
18	RB956911	RB855206	37	SP83-2847	HJ5741
19	RB961012	RB855113	38	SP91-1049	SP80-3328

Os dados foram coletados em cana-planta em maio de 2011. Os caracteres analisados foram: i) Caracteres tecnológicos: avaliadas a partir de uma amostra de 10 colmos na parcela - Pol do caldo em (%), fibra industrial na cana (%), percentagem açúcar corrigido (PCC) e Brix (Caldas,1998); ii) toneladas de cana por hectare (TCH): obtida pelo produto entre o número de colmos (NC) e o peso médio de colmo (PMC). NC foi obtido pela contagem direta do número de colmos na parcela, e PMC foi obtido pelo peso médio de 10 colmos, amostrados aleatoriamente na parcela sendo um colmo por touceira. iii) Toneladas de pol hectare (TPH): obtida por meio da expressão $TPH = (TCH \times Pol)/100$. iv) Toneladas de fibra por hectare (TFH): obtida pela expressão $TFH = (TCH \times fibra)/100$.

2.2. Análises dos dados

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software Selegen-Reml/Blup (Resende, 2007) para análises genéticas e estatísticas. As equações do modelo misto (Resende, 2002) foram utilizadas para calcular os BLUPs dos valores genéticos aditivos e capacidade específica de combinação (CEC) de cada cruzamento.

O modelo estatístico;

$$y = Xb + Z_1a + Z_2d + e$$

em que:

y , b , a , d e e : são respectivamente vetores de dados, dos efeitos fixos de experimento, dos efeitos aleatórios genéticos aditivos, dos efeitos aleatórios de CEC, dos efeitos fixo de blocos e erros aleatórios, respectivamente. X , Z , e W são as matrizes de incidência para b , a e d respectivamente.

Estruturas de médias e variâncias.

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ d \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} V & Z_1A\sigma_a^2 & Z_2I\sigma_d^2 & I\sigma_e^2 \\ Z_1A\sigma_a^2 & A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ Z_2I\sigma_d^2 & 0 & I\sigma_d^2 & 0 \\ I\sigma_e^2 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$V = Z_1A\sigma_a^2Z_1' + Z_2I\sigma_d^2Z_2' + I\sigma_e^2$$

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'Z \\ X'Z & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'Z \\ X'Z & Z'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{d} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h_g^2 - h_d^2}{h_a^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h_g^2 - h_d^2}{h_d^2}$$

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_c^2}$$

$$h_d^2 = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_c^2}$$

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

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

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \sigma_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = [\hat{d}'I^{-1}\hat{d} + \sigma_e^2 \text{tr}(I^{-1}C^{33})] / f$$

Onde $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_a^2$ = variância aditiva e $\hat{\sigma}_d^2$ = variância devido aos desvios de dominância.

As análises foram realizadas com o uso da matriz de parentesco. Os componentes de variância foram obtidos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML e utilizados para computar as estimativas de herdabilidade ao nível de parcela e ao nível de médias de famílias de irmãos germanos. O estimador do componente de variância de dominância entre famílias é dado por $\hat{\sigma}_d^2$, ou seja, equivale ao componente de variância associado à capacidade específica de combinação. Neste caso, σ_d^2 é equivalente a (1/4) da variância genética de dominância total presente na população.

Os efeitos genotípicos das famílias foram preditos por $(1/2)(\hat{a}_i + \hat{a}_j) + \hat{d}$, em que $\hat{a}_i$ e $\hat{a}_j$ são os valores genéticos aditivos preditos do genitor i e j,

respectivamente, e $\hat{d}_{ij}$ é a capacidade específica de combinação (CEC) do cruzamento entre os genitores i e j.

Os estimadores foram:

i) Variância fenotípica individual:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

ii) herdabilidade dos efeitos aditivos ao nível de parcela:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{(0,5x\hat{\sigma}_a^2)}{[(0,5x\hat{\sigma}_a^2) + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + 0,5\hat{\sigma}_a^2]}$$

iii) Herdabilidade no sentido amplo ao nível de média de família:

$$h_{fam}^2 = \frac{(0,5x\hat{\sigma}_a^2) + \hat{\sigma}_d^2}{[(0,5x\hat{\sigma}_a^2) + \hat{\sigma}_d^2 + ((\hat{\sigma}_e^2 + 0,5\hat{\sigma}_a^2)/b)]}$$

iv) Coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação:

$$\hat{C}_{fam}^2 = \frac{\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

v) Acurácia seletiva:

$$\hat{r}_{aa} = \sqrt{\hat{h}_{fam}^2}$$

vi) Coeficiente de variação genético:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{x}}$$

vii) Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{x}}$$

viii) Coeficiente de relativo de variação:

$$CVr = \frac{CV_g}{CV_e}$$

As estimativas de CEC para TCH e TPH foram utilizadas como indicadores de heterose (divergência genética e dominância alélica) para definição de grupos heteróticos na escolha de pares para Seleção Recorrente Recíproca (SRR) conforme

Resende e Barbosa (2005). Para estimar a matriz de distâncias genéticas entre os cruzamentos, foi empregada a distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) sobre as CEC. A metodologia de Tocher foi utilizada para agrupar os cruzamentos de acordo com Rao (1952).

A definição dos grupos heteróticos baseou-se na seguinte sequência: i) agrupou-se os cruzamentos pelas estimativas de CEC para TCH e TPH; ii) localizou-se os grupos de cruzamentos com alta CEC para TCH e TPH; iii) alocou-se os genitores dos cruzamentos com alta CEC em dois grupos heteróticos; iv) certificou-se aqueles genitores alocados dentro do mesmo grupo não apresentassem alta CEC. Esse procedimento visa garantir que genitores oriundos de cruzamentos com alta CEC, sejam agrupados em grupos distintos, e ainda caso exista algum efeito de CEC para cruzamentos entre genitores dentro do grupo, que este seja baixo.

3. Resultados e Discussão

3.1. Componentes de variância e parâmetros genéticos

Os resultados referentes às estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) em 80 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar, seguem apresentadas na Tabela 2. Constatou-se de maneira geral alta variabilidade genética entre as famílias avaliado para todos o caracteres, conforme depreende-se das estimativas dos coeficientes de variação genotípica e das herdabilidade.

Cruz et al. (2012) salientam que na identificação e seleção dos genótipos superiores, a variância genética aditiva se caracteriza como uma das ferramentas mais importantes para a quantificação do potencial de melhoramento da população e para o mérito da estratégia de seleção utilizada, visando à alteração da frequência dos alelos favoráveis.

A alta variabilidade genética (Tabela 2) pode ser atribuída ao número elevado de genitores envolvidos nos cruzamentos, que parece ter sido suficiente para manifestar as diferenças observadas entre as famílias de irmãos completos avaliadas. Quanto à relação entre CV_r , com exceção da fibra, todos os demais caracteres apresentaram valores acima da unidade, o que indica que a variabilidade genética foi maior que a ambiental. Assim sendo, maiores serão as chances de ganhos com a seleção, pois as características podem ser trabalhadas facilmente no melhoramento. O coeficiente de variação genética expressa à magnitude da variação genética em relação à média do caráter.

Tabela 2 – Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) em 80 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar.

Estimativas dos parâmetros	Caracteres					
	Brix	Fibra	PCC	TCH	TPH	TFH
$\hat{\sigma}_a^2$	0,852	0,347	0,770	92,934	4,306	1,976
$\hat{\sigma}_d^2$	0,132	0,051	0,158	369,072	9,105	3,460
$\hat{\sigma}_e^2$	0,468	0,693	0,564	277,272	7,723	3,327
$\hat{\sigma}_f^2$	1,453	1,090	1,492	739,279	21,135	8,762
$\hat{h}_a^2$	0,587+-0,156	0,318+-0,115	0,516+-0,146	0,126+-0,071	0,204 +-0,092	0,226+-0,096
c_{fam}^2	0,091	0,046	0,106	0,499	0,431	0,395
$\hat{h}_{fam}^2$	0,757	0,564	0,741	0,865	0,851	0,838
$\hat{r}_{aa}$	0,870	0,751	0,861	0,930	0,922	0,915
Média	18,093	10,318	13,421	86,957	13,654	8,911
$\sigma_a^2/(\sigma_a^2 + \sigma_d^2)$	0,866	0,872	0,830	0,201	0,321	0,364
CV_g	5,485	6,108	7,178	24,718	26,821	26,165
CV_e	3,781	8,069	5,595	19,159	20,354	20,469
CV_r	1,451	0,757	1,283	1,291	1,318	1,278

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_d^2$ = variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$ = herdabilidade dos efeitos aditivos ao nível de parcela; $\hat{h}_{fam}^2$ = herdabilidade no sentido amplo ao nível de média de família; c_{fam}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação; $\hat{r}_{aa}$ = Acurácia seletiva; CV_g = coeficiente de variação genético; CV_e = Coeficiente de variação experimental; CV_r = Coeficiente de relativo de variação.

Os coeficientes de variação experimental (CVe%) apresentaram magnitudes que conferem boa precisão experimental (Tabela 2). Os maiores valores para CVe foram encontrados para os caracteres TCH, TPH e TFH. Os caracteres brix, fibra e PCC apresentaram valores inferiores a 10%. A magnitude dos valores apresentados estão de acordo com os descritos na literatura (Bressiani, 2001; Barbosa et al., 2004; Oliveira, 2007; Silva, 2009;). Contudo, de acordo com a classificação dos CVe proposta por Couto et al. (2013) para experimentos com cana de açúcar, os caracteres PCC, TCH e TPH seriam classificados como de magnitude média, alto e alto, respectivamente.

Segundo Resende e Duarte (2007), os valores de CVe são relativamente empíricos uma vez que não informam sobre a acurácia seletiva ($\hat{r}_{aa}$) da avaliação. A acurácia expressa a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético, e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. Resende (2002), enfatiza que por ser uma medida associada à precisão na seleção, a acurácia é o principal elemento do progresso genético, em que o melhorista pode alterar com o objetivo de maximizar o ganho genético. Os valores de $\hat{r}_{aa}$ observados na Tabela 2, foram considerados altos para todos os caracteres avaliados.

É importante destacar que as estimativas nesse trabalho foram obtidas a partir de parcelas constituídas de 20 indivíduos e repetidas cinco vezes. Leite et al. (2009) salienta que uma amostra de 16 plantas por parcela, ou ainda, 96 indivíduos por família, é suficiente para obter estimativas fidedignas de parâmetros em cana-de-açúcar.

Para se obter eficácia na seleção, Resende e Barbosa (2005) verificaram o número total de indivíduos necessários por família de irmãos germanos obtidas sob cruzamentos fatoriais. Neste contexto, com herdabilidade de 0,2, são necessários cerca de 11 e 25 indivíduos por progênie de irmãos germanos para conseguir 80% e 90% de precisão na seleção dessas famílias, em ausência de dominância. Na presença de dominância, são necessários cerca de 7 e 11 indivíduos por progênie de irmãos completos.

A magnitude da herdabilidade denota o grau de dificuldade para melhorar uma característica em particular e ajuda a orientar o método mais eficiente a ser usado na

condução de uma população segregante. Os coeficientes de herdabilidade ao nível de média de família (h_{fam}^2), apresentaram magnitudes acima de 0,7 para todos os caracteres, com exceção da fibra. Considerando a herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), observou-se que TCH apresentou baixa magnitude (0,126), enquanto que para os caracteres fibra, TPH e TFH, foi de moderada magnitude (0,318; 0,204; 0,226 respectivamente), sendo que os referidos erros padrões foram de pequena magnitude, permitindo que as referidas herdabilidades não fossem consideradas nulas, pelos limites dos intervalos de confiança, fato que indicaria ausência de variabilidade para estas características de seleção. Para os caracteres relacionados ao teor de açúcar, Brix e PCC, os valores estiveram acima de 0,5, considerado de média magnitude.

Trabalhos relacionados (Cox e Horgath, 1993; Bressiani, 2001; Barbosa et al. 2004), que envolvem a seleção de famílias, relatam que para caracteres de baixa a moderada herdabilidade, como TCH e TPH, devem ser considerados nas fases iniciais de um programa de melhoramento em cana-de-açúcar. Neste sentido, seleção de famílias em cana-de-açúcar, tem um papel fundamental, pois aumenta a probabilidade de encontrar indivíduos promissores para características de baixas herdabilidades individuais, nas fases iniciais do melhoramento genético.

As estimativas encontradas para herdabilidade permitem a seleção com boa precisão para todos os caracteres (Tabela 2). Entretanto, segundo Resende (2002), deve-se ter em mente que esses coeficientes podem estar inflacionados pelas interações que ocorrem entre genótipos x anos, genótipos x locais a e ainda genótipos x locais x anos. Deve-se considerar também que os parâmetros genéticos estimados variam entre as populações, justificada pela diferença na base genética. De todo modo, a alta magnitude das estimativas de herdabilidade no sentido amplo implica em sucesso na seleção entre e dentro famílias. No entanto, no contexto da seleção recorrente maior atenção deve ser dada as estimativas de herdabilidade no sentido restrito ou herdabilidade dos efeitos aditivos, pois são esses efeitos que serão passados para próxima geração quando em cruzamento.

Os valores de herdabilidade observados na Tabela 2 indicam a existência de variabilidade genética e reforçam as boas perspectivas em relação ao avanço

genético dos caracteres avaliados. Segundo Falconer (1987) as estimativas de herdabilidades tem a finalidade de orientar o melhorista sobre a quantidade relativa de variância genética útil para o melhoramento. Salieta ainda que a herdabilidade não é uma propriedade apenas de um caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos. O seu valor pode ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes das variâncias genética e fenotípica.

Diferentes estudos (Hogarth, 1971; Skinner et al., 1987; Bressiani et al., 2002; Oliveira et al., 2008; Silva, 2009) têm reportado estimativas de herdabilidade ao nível de famílias para caracteres relacionados à TCH e TPH, em magnitudes equivalentes às obtidas neste trabalho. Como por exemplo, Skinner et al. (1987) encontraram estimativas de 0,75 para peso de colmos, enquanto que Silva (2009) para a variável Brix o valor foi de 0,63. Bressiani (1993) reportou valores elevados de herdabilidade para Brix.

A proporção entre as variâncias relativas aos efeitos aditivos e dominância estimada pela expressão $\sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_d^2)$ foi pequena para as variáveis TCH, TPH e TFH (Tabela 2). Isso demonstra que os efeitos genéticos de dominância foram superiores aos efeitos genéticos aditivos na explicação da variação genética para TCH e TPH. No entanto para Brix, fibra e PCC essa proporção esteve próxima da unidade, indicando que os efeitos aditivos foram maiores que os não aditivos. Alguns trabalhos (Hogarth, 1977; Hogarth et al., 1981; Bastos et al., 2003; Liu et al., 2007), tem reportado os efeitos aditivos como sendo tão importantes quanto os de dominância, contudo, a predominância dos efeitos de dominância observado neste trabalho, especialmente para TPH, pode estar ligada a escolha dos genitores que participaram dos cruzamentos.

Para o caráter TCH, o resultado encontrado corrobora com o obtido por Bastos et al. (2003) onde os efeitos gênicos não-aditivos também foram predominantes para este caráter. Carvalho (2012) a partir da análise conjunta de cinco experimentos de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos, constatou-se efeito significativo não aditivo para peso de colmos. Liu et al. (2007) encontraram alto efeito de dominância para o caráter peso de colmo. Em contrapartida, de acordo

os resultados obtidos por Barbosa et al. (2004) os efeitos aditivos foram predominantes para explicar a variação genética entre as famílias de cana-de-açúcar para o caráter toneladas de cana por hectare.

Outros trabalhos, tais como, Oliveira et al. (2008) sugerem a predominância dos efeitos genéticos aditivos para TCH. Entretanto os autores não informam qual o delineamento de cruzamento utilizado, e isso pode ter gerado um viés na estimação de componentes de variância. Bressiani et al. (2002) também indicaram que a CGC foi superior a CEC para TCH. Matsuoka et al. (2005), analisando a relação entre os componentes aditivos e de dominância em cana-de-açúcar, encontraram para brix que o componente aditivo foi predominante, enquanto que para o peso de colmos, prevaleceu a não aditivo.

Segundo Hogarth (1980) e Wu et al. (1980) a ação gênica predominante no teor de Brix é a aditiva, e para os demais componentes de produção é a não aditiva. Para produção de colmos, segundo Hogarth (1977) os desvios devido à dominância tem se mostrado de mesma magnitude que a aditiva. Contudo, Alarmelu et al. (2010) avaliando progênies oriundas de um fatorial 7x3, verificaram que os efeitos não aditivos foram predominantes para o caráter brix.

Diferentes estratégias de seleção podem ser propostas de acordo com a herança da característica. As evidências apresentadas sugerem que os efeitos gênicos aditivos são tão importantes quanto os efeitos gênicos não-aditivos na expressão dos caracteres de importância econômica da cana-de-açúcar. Desta maneira, explorar a capacidade específica de combinação (CEC) nos cruzamentos torna-se tão importante quanto à capacidade geral de combinação. De todo modo, ainda que os efeitos não aditivos para TCH e TPH (Tabela 2) tenham sido maiores, existe uma porção aditiva que também deve ser explorada. Neste sentido, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar devem ser delineados para explorar ambas as frações da variação genética total. O uso da Seleção Recorrente interpopulacional, conforme apresentado por Resende e Barbosa (2005) se apresenta como uma interessante estratégia para o programa de melhoramento de cana-de-açúcar.

3.2. Seleção de cruzamentos

Na Tabela 3, são apresentados os valores genotípicos para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) avaliadas em 80 famílias de irmãos completos e com o ordenamento das 15 melhores para TPH. Os valores genotípicos, foram calculados considerando a matriz de parentesco genético baseado na análise REML/BLUP. Os valores genotípicos para todos o cruzamentos e caracteres foram apresentados no Anexo 3.

Das 80 famílias envolvidas nesse estudo, para os caracteres TPH e TCH, 40 famílias foram superiores à média (Anexo 3). Alguns cruzamentos tais como: RB008304 x RB92579, RB00503 x RB99386, RB979505 x RB99382, RB01461 x RB92579, SP83-2847 x RB855046 e RB008296 x RB998118, apresentaram altos valores genotípicos, e podem ser explorados em cruzamentos futuros utilizando populações maiores para seleção dentro de famílias.

Tabela 3 - Valores Genotípicos para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) avaliadas em 80 famílias de irmãos completos e com ordenamento das 15 melhores famílias para TPH.

Cruzamentos		Caracteres					
Fem	Masc	Brix	Fibra	PCC	TCH	TPH ⁽¹⁾	TFH
RB008304	RB92579	18,81 (16)*	10,97 (3)	14,27 (10)	132,86 (1)	22,94 (1)	14,68 (1)
RB979505	RB99382	18,28 (31)	10,46 (24)	13,59 (33)	125,06 (3)	19,87 (2)	12,81 (2)
RB00503	RB99386	17,97 (50)	10,11 (53)	13,24 (51)	125,72 (2)	19,32 (3)	12,64 (4)
RB01461	RB92579	18,13 (41)	10,36 (32)	13,49 (41)	123,39 (4)	18,69 (4)	12,69 (3)
RB855046	RB011685	19,58 (1)	10,18 (45)	14,92 (1)	105,07 (11)	18,68 (5)	10,68 (11)
SP83-2847	RB855046	18,71 (19)	10,48 (21)	13,60 (32)	118,45 (5)	18,38 (6)	11,82 (6)
RB008304	RB946015	19,10 (8)	11,34 (2)	14,23 (12)	107,53 (9)	18,24 (7)	12,47 (5)
RB008296	RB998118	17,70 (62)	10,40 (28)	12,99 (59)	118,15 (6)	17,98 (8)	11,81 (7)
RB99395	RB00503	19,09 (9)	10,13 (49)	13,93 (20)	110,20 (7)	17,74 (9)	10,90 (9)
RB99382	RB979505	18,20 (36)	10,55 (18)	13,62 (31)	109,63 (8)	17,65 (10)	11,55 (8)
RB011685	RB855046	19,10 (7)	10,12 (51)	14,62 (2)	102,50 (14)	17,45 (11)	10,20 (18)
RB01461	RB946015	19,11 (6)	10,57 (16)	14,37 (5)	100,96 (19)	17,19 (12)	10,48 (15)
RB956911	RB946015	18,42 (26)	10,51 (19)	13,75 (26)	104,58 (13)	16,87 (13)	10,65 (12)
RB01461	RB925211	18,60 (21)	10,19 (44)	14,19 (14)	100,39 (20)	16,65 (14)	10,07 (21)
RB928064	RB965688	17,79 (59)	10,16 (47)	13,17 (53)	105,00 (12)	16,13 (15)	10,56 (14)
Média geral ⁽²⁾		18,18	10,29	13,47	87,10	13,71	8,93

* Classificação referente aos efeitos da CEC. ⁽¹⁾ Seleção das 15 melhores famílias com base no caráter TPH. ⁽²⁾ Média geral dos valores genotípicos das 80 famílias de irmãos completos.

Se houver a intenção da seleção de indivíduos superiores dentro das famílias, visando o estabelecimento de testes clonais, a seleção deve basear-se nos valores genotípicos individuais totais. Por se tratar de dados tomados com base na média da parcela, o procedimento BLUPIS é indicado uma vez que no presente trabalho não foram obtidos dados de plantas individuais. Essa estratégia de seleção em cana-de-açúcar proposta por Resende e Barbosa (2006) denominada de BLUP individual simulado (BLUPIS), baseia-se nos efeitos genotípicos das famílias. Segundo os autores, a vantagem desse método está no fato de não requerer a avaliação individual de plantas no experimento, indicando o número de indivíduos a ser selecionado por família e eliminando automaticamente as famílias com efeito genotípico negativo, ou seja, aquelas abaixo da média geral do experimento. Trabalhos envolvendo a utilização do BLUPIS enfatizam a eficiência do método para seleção em cana-de-açúcar (Resende e Barbosa, 2006; Silva, 2009; Carvalho, 2012).

Outro método que combina a seleção de indivíduos e famílias é apresentado por McRae et al. (1998), junto ao programa de melhoramento genético de cana na Austrália. Neste método, os dados de produtividade são obtidos na fase de planta cana utilizando a colheita mecanizada, e a seleção visual dos indivíduos superiores é realizada dentro das melhores famílias obtidas na soqueira. Conforme proposto por Cox et al. (2000), o percentual de seleção entre as famílias deve ser de 40%. No passo seguinte, quatro grupos devem ser formados a partir deste total, classificando as famílias com base na produtividade açúcar por hectare. Para cada grupo de famílias superiores, a seleção deverá ser 40%, 30%, 20% e 10%, dentro das famílias, respectivamente. Este processo foi designado seleção sequencial.

Bressiani (2001) sugeriu uma modificação do método de seleção sequencial, estimando diferentes porcentagens de seleção dentro da família para os componentes de produção e para o brix, associados com o desempenho da família. Uma outra estratégia recomenda por Pedrozo et al. (2011), seria realizar a seleção de famílias na cana-planta e seleção individual de clones na cana-soca.

Barbosa et al. (2004) destacam que uma vantagem adicional da avaliação de experimentos em famílias é que, além de fornecer estimativas do valor genotípico para a seleção das melhores famílias, eles também permitem estimar os efeitos genéticos aditivos dos genitores envolvidos nos cruzamentos. Esta última alternativa é muito importante para o planejamento de cruzamentos. Os efeitos genéticos aditivos poderiam ser obtidos em experimentos de avaliação do meio irmãos, bem como em experimentos com famílias de irmãos completos sob fatorial desconexo.

As estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) avaliadas em 80 famílias de irmãos completos e com ordenamento das 15 melhores famílias para TPH, são apresentadas na Tabela 4. No Anexo 4, seguem apresentadas as estimativas de todos os cruzamentos e caracteres avaliados nesse trabalho.

Tabela 4 – Efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) avaliadas em 80 famílias de irmãos completos.

Cruzamentos			Caracteres					
	Fem	Masc	Brix	Fibra	PCC	TCH ⁽¹⁾	TPH	TFH
1	RB008304	RB92579	0,346 (4)*	0,075 (19)	0,427 (2)	41,156 (1)	7,744 (1)	4,518 (1)
2	RB979505	RB99382	0,116 (23)	-0,069 (63)	0,082 (32)	34,286 (3)	5,119 (2)	2,950 (4)
3	RB00503	RB99386	-0,154 (62)	0,003 (39)	-0,103 (51)	34,481 (2)	4,661 (3)	3,014 (3)
4	RB008296	RB998118	0,042 (31)	-0,103 (69)	0,078 (34)	30,980 (5)	4,491 (4)	2,721 (5)
5	RB855046	RB011685	0,473 (1)	0,020 (30)	0,471 (1)	16,320 (12)	4,072 (5)	1,546 (11)
6	RB01461	RB92579	-0,139 (59)	0,074 (20)	-0,249 (68)	32,793 (4)	3,972 (6)	3,110 (2)
7	RB99395	RB00503	0,128 (20)	-0,029 (52)	-0,003 (44)	23,344 (7)	3,957 (7)	2,097 (7)
8	RB008304	RB946015	0,048 (30)	0,123 (9)	0,046 (39)	17,425 (9)	3,271 (8)	2,499 (6)
9	RB01461	RB925211	0,017 (36)	-0,024 (48)	0,129 (24)	14,325 (14)	2,908 (9)	1,351 (13)
10	RB99382	RB979505	0,031 (32)	0,017 (32)	0,117 (27)	18,861 (8)	2,900 (10)	1,682 (8)
11	RB011685	RB855046	-0,004 (43)	-0,039 (56)	0,180 (19)	13,746 (16)	2,848 (11)	1,072 (19)
12	SP83-2847	RB855046	-0,232 (71)	-0,132 (74)	-0,238 (64)	24,474 (6)	2,780 (12)	1,601 (9)
13	RB01461	RB946015	0,258 (10)	-0,039 (57)	0,294 (6)	11,957 (20)	2,698 (13)	1,097 (16)
14	RB928064	RB965688	-0,007 (44)	0,014 (34)	0,083 (31)	16,951 (11)	2,418 (14)	1,541 (12)
15	RB956911	RB946015	0,012 (37)	-0,032 (53)	0,035 (40)	15,156 (13)	2,379 (15)	1,228 (14)

* Classificação referente aos efeitos da CEC. ⁽¹⁾ Seleção das 15 melhores famílias com base no caráter TPH.

Foram observados 40 cruzamentos para TCH e 38 cruzamentos para TPH com estimativas positivas dos efeitos da CEC. Foram ainda observados 41 cruzamentos para fibra e TFH, 43 para brix e 44 para PCC (Anexo 4). Conforme Resende e Barbosa (2005) o principal objetivo na hibridação não é maximizar a heterose, mas sim a média do cruzamento. Para caracteres e populações que apresentam elevada CEC, genitores divergentes devem ser cruzados.

Resende e Barbosa (2005) relatam que os efeitos genotípicos das famílias híbridas são dadas por $(1/2)(\hat{a}_i + \hat{a}_j) + \hat{d}_{ij}$, em que $\hat{a}_i$ e $\hat{a}_j$ referem-se aos valores genéticos aditivo do genitor i e j, respectivamente, e $\hat{d}_{ij}$ é a capacidade específica de combinação (CEC) do cruzamento entre os genitores i e j. Quando a média da família tende a ser superior à média dos respectivos genitores, verifica-se a presença de cruzamentos entre genitores com elevada capacidade de combinação.

Os cruzamentos promissores que se destacaram dos demais por apresentarem altos valores com relação à estimativa dos efeitos de CEC para TCH e TPH foram: RB008304 x RB92579; RB00503 x RB99386; RB979505 x RB99382; RB01461x RB92579; RB008296 x RB998118. Assim, uma maior atenção pode ser dada a estes cruzamentos, com o objetivo de gerar populações de alta média aumentando a probabilidade de encontrar genótipos superiores dentro destas.

Segundo Bastos et al. (2003) o efeito da CEC deve ser interpretado como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado, com base na CGC de seus genitores, portanto, servindo para evidenciar a importância de interações não-aditivas, resultantes da complementação gênica entre os genitores. Desse modo, o estudo da CEC permite antever a possibilidade de ganho genético com a exploração da heterose. Assim de acordo com Cruz et al. (2012) o melhorista deve procurar por combinações híbridas com médias elevadas, estimativas da CEC mais favoráveis, que envolvam pelo menos um dos genitores que tenha apresentado o mais favorável efeito da CGC.

O cruzamento RB008304 x RB92579 foi superior aos demais para os caracteres TCH e TPH (Tabela 4). Este cruzamento poderá ser utilizado em um programa de seleção recorrente recíproca individual (SRRI). A SRRI estaria explorando os efeitos aditivos e os desvios de dominância. Detalhes sobre esse

esquema seletivo podem ser encontrados em Resende (2002) e Resende e Barbosa (2005). Por outro lado, atenção também deve ser dada aos demais cruzamentos que apresentaram estimativas positivas para o efeito da CEC, observando a existência de pelo menos um dos genitores com efeito favorável da CGC.

De acordo Resende e Barbosa (2005) a SRRI, é um tipo de seleção interpopulacional que envolve inicialmente apenas um indivíduo de cada população e visa explorar o limite máximo da CEC. A escolha deste tipo de seleção é recomendada quando existe um cruzamento (identificado nos estágios iniciais da SRR ou via cruzamentos entre clones elites) muito superior a todos os demais.

O primeiro passo para SRRI refere-se à autofecundação dos indivíduos do par em questão, visando abrir população dentro dos dois genitores. Posteriormente, deve-se selecionar o indivíduo S1 a ser cruzado em nível interpopulacional visando o início da SRRI. Nessa etapa deve se enfatizar a seleção para açúcar dentro dos S1, sendo a produção de colmos, que é um caráter com significativa dominância será melhorado pela SRR. Contudo, mesmo para caracteres com controle genético predominantemente aditivo e de alta herdabilidade, é provável que haja baixa variabilidade genética para seleção em S1, pois estes caracteres podem estar quase fixados nos genitores elites (Resende, 2002; Resende e Barbosa, 2005).

A seleção recorrente recíproca (SRR) é o principal método para melhorar a média de cruzamentos interpopulacionais. Deve ser utilizada no melhoramento de espécies em que a heterose é relevante nos caracteres de importância econômica (Resende, 2002). Na cultura da cana-de-açúcar, a SRRI permite explorar os S1 na seleção para açúcar e ainda explorar a divergência genética entre os dois genitores para melhorar o caráter TCH e TPH via SRR e clonagem.

3.3. Seleção de genitores

Seguem apresentados na Tabela 5 os efeitos genéticos aditivos (a) preditos via BLUP para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) oriundas do cruzamento em fatorial desconexo entre 38 genitores e com seleção do 15 melhores genitores para TPH. No Anexo 5, são apresentados os efeitos genéticos para todos o genitores e caracteres.

No presente estudo, não foram realizadas todas as combinações entre os genitores apresentados na Tabela 1, para tanto, foi estabelecido um fatorial desconexo, onde os genitores participaram em pelo menos três cruzamentos. Mesmo admitindo esse esquema de cruzamento, alguns cruzamentos não foram obtidos, devido à problemas na germinação ou ainda pela presença de macho esterilidade. Portanto, o procedimento utilizado para obter os valores genéticos aditivos no presente estudo foi REML/BLUP.

Observou-se 18 estimativas positivas dos efeitos genéticos aditivos para a variável TCH, enquanto que para TPH foram encontradas 19. Os genitores SP83-2847, RB979505, RB92579 e RB99386 apresentaram elevadas estimativas, tanto para TCH quanto para TPH. Desta maneira, esses genitores estariam contribuindo com alelos favoráveis ao aumento da produção de colmos e açúcar. Particularmente para variável TPH, os genitores com as maiores estimativas de efeitos genéticos aditivos foram SP83-2847 e RB855046, contudo o destaque deve ser dado ao genitor SP83-2847 por ter apresentado as mais altas estimativas em ambos os caracteres (Tabela 5).

Nesse trabalho foram avaliados 100 indivíduos por progênie de irmãos completos. Valores do número de indivíduos por família de irmãos germanos para atingir determinada acurácia na seleção de genitores por valores genéticos aditivos sob cruzamentos fatoriais são apresentados por Resende e Barbosa (2005). São necessários cerca de 25 indivíduos por progênie de irmãos completos para atingir uma acurácia de 90% na seleção, considerando herdabilidade de 0,2.

Tabela 5 - Efeitos genéticos aditivos (a) preditos via BLUP para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) oriundas do cruzamento em fatorial desconexo entre 38 genitores.

Genitores		Caracteres						Nº cruzamentos	
		Brix	Fibra	PCC	TCH	TPH ⁽¹⁾	TFH	Fem	Masc
1	SP83-2847	0,28 (17)*	0,20 (12)	-0,22 (23)	8,36 (1)	1,96 (1)	1,50 (1)	3	3
2	RB855046	1,42 (2)	0,38 (8)	1,06 (2)	5,69 (5)	1,93 (2)	1,12 (5)	3	2
3	RB92579	-0,16(22)	0,09 (16)	0,05 (19)	6,32 (3)	1,69 (3)	1,27 (3)	2	2
4	RB979505	-0,28 (25)	0,32 (9)	-0,31 (25)	6,61 (2)	1,57 (4)	1,46 (2)	0	1
5	RB008304	0,91 (4)	1,06 (1)	0,80 (4)	3,17 (7)	1,39 (5)	1,24 (4)	3	2
6	RB99386	-0,78 (33)	-0,20 (26)	-0,59 (32)	6,09 (4)	1,25 (6)	1,02 (6)	3	2
7	RB946015	1,01 (3)	0,74 (2)	0,72 (5)	3,13 (8)	1,24 (7)	0,87 (7)	3	3
8	RB855589	1,45 (1)	0,56 (3)	1,12 (1)	1,66 (15)	0,90 (8)	0,49 (9)	3	1
9	RB00503	0,84 (6)	-0,22 (27)	0,44 (14)	2,48 (12)	0,76 (9)	0,42 (11)	3	2
10	RB928064	0,41 (15)	-0,34 (33)	0,28 (16)	2,50 (11)	0,66 (10)	0,26 (14)	3	2
11	RB99382	0,43 (14)	0,10(15)	0,48 (11)	1,02 (16)	0,64 (11)	0,45 (10)	2	3
12	RB008296	-0,23 (23)	0,25 (11)	-0,18 (22)	2,84 (10)	0,63 (12)	0,70 (8)	3	1
13	RB965635	-0,01 (20)	-0,38 (34)	-0,50 (28)	4,07 (6)	0,61 (13)	0,42 (12)	2	3
14	RB965624	0,71 (7)	0,00 (18)	0,46 (13)	1,72 (14)	0,54 (14)	0,32 (13)	2	1
15	RB956911	-0,37 (26)	-0,29 (30)	-0,14 (20)	1,80 (13)	0,45 (15)	0,16 (15)	1	3

* classificação referente aos efeitos genéticos aditivos. ⁽¹⁾ Seleção dos 15 melhores com base no caráter TPH.

Para os caracteres brix, fibra, PCC e TFH foram observados, respectivamente, 19, 19, 20 e 18 valores positivos dos efeitos genéticos (Anexo 5). Com relação ao ordenamento do melhores genitores pelo efeito genético, observou-se divergência entre os diferentes caracteres avaliados. Enquanto que para o caráter brix os melhores genitores foram RB946015, RB855589 e RB855046, para fibra os melhores foram RB008304, RB946015 e RB855589 (Anexo 5). No caso de brix e PCC e a escolha dos genitores apresentam maior convergência devido à alta correlação entre os caracteres. Para a variável TFH maiores valores foram encontrados para os genitores SP83-2847, RB979505 e RB92579 (Tabela 5).

Considerando que os melhoristas devem procurar por combinações híbridas com médias elevadas, estimativas da CEC mais favoráveis (Tabela 4), que envolvam pelo menos um dos genitores com efeito favorável da CGC (Tabela 5), os cruzamentos mais promissores para TPH seriam SP83-2847 x RB855046, RB979505 x RB99382, RB008304 x RB92579, RB00503 x RB99386. Em contrapartida, no cruzamento entre RB965624 x RB965635, o genitor RB965635 classificado entre os 6 seis melhores de acordo a magnitude do efeito genético aditivo (Tabela 5), não apresentou um bom desempenho em cruzamento (Tabela 4) quando comparado com demais apresentados anteriormente. Importante observar que o mérito de um clone como genitor depende da sua capacidade de produzir população segregante superior, quando em cruzamento com outros clones.

Apesar disso, muitos cruzamentos ainda têm sido orientados com base apenas na experiência que o melhorista tem com a cultura, não sendo este o procedimento mais correto. O número de cruzamentos, relacionados com a taxa de seleção pode ser um indicativo do potencial genético de um genitor, porém esse é um caminho mais longo. Assim apostar nos delineamentos de cruzamentos para auxiliar na escolha da melhores combinações, é a melhor alternativa para aumentar a probabilidade de encontrar indivíduos superiores nas populações segregantes.

A avaliação de famílias, com cruzamentos orientados em esquema de fatorial desconexo, fornece importantes informações para dar suporte ao melhorista, quanto à escolha mais eficiente dos cruzamentos e genitores, e ainda no conhecimento das frações das variações genéticas envolvidas explicação da variação genética total.

Permite ainda, fazer uma melhor e mais eficiente gestão do banco de germoplasma e dos cruzamentos que deverão ser priorizados a cada safra.

3.4. Proposta de obtenção de grupos heteróticos

As estimativas de CEC, envolvendo cruzamentos, são indicadores da divergência genética e podem ser usados na definição de grupos heteróticos, ou ainda na escolha de pares para Seleção Recorrente Recíproca (SRR) (Resende e Barbosa, 2005). Na Tabela 7, têm-se o agrupamento dos cruzamentos de cana-de-açúcar definido pelo método de Tocher gerado a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis quanto às estimativas de CEC para os caracteres TCH e TPH.

Observou-se a formação de quatro grupos, mas com predominância de um grupo maior (Grupo 1) composto por 73% dos cruzamentos avaliados. Esse grupo esteve compreendido por cruzamentos com magnitudes medianas de CEC. Nos grupos 2 e 3, encontram-se os cruzamentos com altos valores de CEC, enquanto que o grupo 4 os de menor valor (Tabela 7). Os cruzamentos que apresentaram o maior e o menor efeito para CEC foram o RB008304xRB92579 e o RB855156xRB011685, respectivamente (Anexo 4), e, portanto foram alocados em grupos distintos conforme Tabela 7.

Tabela 7 - Agrupamento dos cruzamentos de cana-de-açúcar definido pelo método de Tocher gerado a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis quanto às estimativas de CEC para os caracteres TCH e TPH.

Grupos	Cruzamentos	CEC
1	(SP70-3370xRB997984), (RB855536xRB966920), (RB008304xRB925211), (RB965911xRB867515), (RB925211xRB956911), (RB99382xSP70-3370), (RB966920xRB855536), (RB877603xRB965911), (RB956911xRB925211), (SP70-3370xRB99382), (RB928064xRB966920), (RB01461xRB925211), (RB855046xSP83-2847), (RB987915xRB98710), (RB966920xRB928064), (RB925211xRB01461), (RB00503xRB99395), (SP83-2847xRB855046), (RB99382xRB987915), (RB961012xRB966920), (RB998118xRB00503), (RB99395xRB00503), (RB011685xRB855046), (RB987915xRB99382), (RB855536xRB998369), (RB008296xRB99395), (RB865398xRB855589), (RB987915xRB997984), (RB855536xRB965688), (RB998118xRB008296), (RB00503xRB998118), (RB855589xRB865398), (RB867515xRB965635), (RB965688xRB855536), (RB998118xSP91-1049), (RB855046xRB965586), (RB965586xRB855156), (RB965635xRB867515), (RB928064xRB965688), (RB845210xSP83-2847), (RB855156xRB965586), (RB877603xRB965635), (RB965688xRB928064), (RB965624xRB965635), (SP83-2847xRB845210), (RB965911xRB877603), (SP83-2847xRB855156), (RB965635xRB877603), (RB946015xRB956911), (RB965650xRB877603), (RB855156xSP83-2847), (RB979505xRB98710), (RB956911xRB946015), (RB965624xRB965650), (RB965635xRB965624), (RB979505xRB997984), (RB008304xRB946015), (RB92579xRB956911), (RB946015xRB01461), (RB877603xRB965650), (RB99382xRB979505), (RB946015xRB008304), (RB01461xRB92579), (RB011685xRB845210), (RB998369xRB855536), (SP70-3370xRB98710), (RB01461xRB946015), (RB92579xRB01461), (RB845210xRB011685), (RB845210xRB965586)	Média
2	(RB979505xRB99382), (RB961012xRB965688), (RB00503xRB99386), (RB01461xRB92579), (RB008296xRB998118), (RB008296xRB99386)	Alta
3	(RB855046xRB011685), (RB008304xRB92579)	Alta
4	(RB855156xRB011685), (RB925211xRB008304)	Baixa

Para definição dos grupos heteróticos utilizou-se a seguinte sequência: i) agrupamento dos cruzamentos pelas estimativas de CEC para TCH e TPH; ii) identificou-se os grupos com alta CEC para TPH; iii) cada genitor do par do cruzamento com alta CEC foi alocado em grupos distintos formando dois grupos heteróticos; iv) estimou-se o coeficiente de Malecót (Kempthorne, 1973) entre e dentro de grupos. Desta maneira foi possível verificar a magnitude das relações de parentesco, e ainda a possibilidade de realocação ou exclusão de algum clone.

Os grupos heteróticos obtidos a partir das estimativas da capacidade específica de combinação para TCH e TPH e em concordância com a sequência descrita anteriormente, seguem apresentados na Tabela 10. Observa-se ainda na Tabela 8 a classificação dos genitores de cada grupo heterótico em relação aos seus respectivos efeitos genéticos aditivos para TPH. O grupo 1, foi representado por oito genitores, dentro os quais, seis estiveram entre os dez melhores em relação ao valor do efeito genético aditivo. No grupo 2, formado por cinco genitores, dois encontraram-se entre os dez melhores. Os cruzamentos deverão ser orientados utilizando indivíduos de grupos distintos, onde um fatorial interpopulacional 8x5, totalizando 40 cruzamentos poderia ser realizado.

Tabela 8 - Grupos heteróticos identificados a partir das estimativas da capacidade específica de combinação.

Grupo 1		Grupo 2	
Clones	Class ^(*)	Clones	Class ^(*)
SP832847	(1)	RB92579	(3)
RB855046	(2)	RB99386	(6)
RB979505	(4)	RB99382	(11)
RB008304	(5)	RB011685	(19)
RB00503	(9)	RB998118	(30)
RB008296	(12)		
RB01461	(16)		
RB961012	(29)		

**Classificação com base nos valores genéticos aditivos para TPH*

Esse foi um primeiro esforço para identificar grupos heteróticos em cana-de-açúcar, e assim tornar possível explorar de maneira mais efetiva tanto os efeitos não aditivos quanto os aditivos envolvidos na expressão de caracteres de importância para cultura. Reconhecida a importância em explorar tanto a CEC quanto CGC (Hogarth, 1980; Wu et al., 1980; Bressiani et al., 2002; Bastos et al., 2003; Barbosa et al., 2004), é que se propõe aplicar a seleção recorrente recíproca (SRR) no melhoramento da cana-de-açúcar. Neste contexto, a SRR utilizando a população em questão poderia ser aplicada em dois níveis conforme Resende e Barbosa (2005); (i) populacional, envolvendo o cruzamento de vários indivíduos de uma população com indivíduos da população recíproca; (ii) individual (SRRI) envolvendo apenas um indivíduo de cada população, os quais produzem um excelente cruzamento, com alto valor genotípico e alta CEC. Tais indivíduos originários de cruzamento superior são autofecundados produzindo duas populações S1 nas quais são selecionados indivíduos superiores para integrar um programa de seleção recorrente recíproca.

Uma alta estimativa de CEC indica que os genitores presentes em um cruzamento apresentam boa complementaridade alélica, especialmente por

apresentarem divergência, ou mesmo por não apresentarem uma alta relação de parentesco.

Ademais, em outra abordagem para formação de grupos heteróticos, as estimativas de CEC poderiam ser consideradas como medidas de distância entre os genitores, ou seja, a matriz de CEC seria a matriz de distância entre os genitores. Os cruzamentos com efeitos de CEC positivos indicariam que os genitores pertencem a grupos heteróticos opostos e cruzamentos com efeitos de CEC negativos indicariam que pertencem ao mesmo grupo heterótico. Desta maneira, os grupos heteróticos poderiam ser formados baseando-se nas estimativas das capacidades específicas de combinação (CEC) e na inspeção visual dos dendrogramas e gráficos resultantes das análises de agrupamento. Nessa abordagem agrupamento se daria nível de genitores.

A utilização dessa abordagem no presente trabalho gerou um agrupamento pouco consistente devido à grande quantidade de zeros na matriz de CEC, uma vez que no fatorial desconexo poucos cruzamentos são realizados para um conjunto grande de genitores. Foi possível completar apenas 16% da matriz com as estimativas de CEC obtidas a partir dos cruzamentos realizados. Informar o valor "zero" na matriz CEC, indicaria que os genitores pertencem ao mesmo grupo heterótico, quando na verdade poderiam ser alocados em grupos distintos, ou seja, poderia haver algum efeito heterótico.

Com as informações dos grupos heteróticos (Tabela 8), propõe-se o emprego da Seleção Recorrente Recíproca, conforme o fluxograma na Figura 1 para formação das populações base.

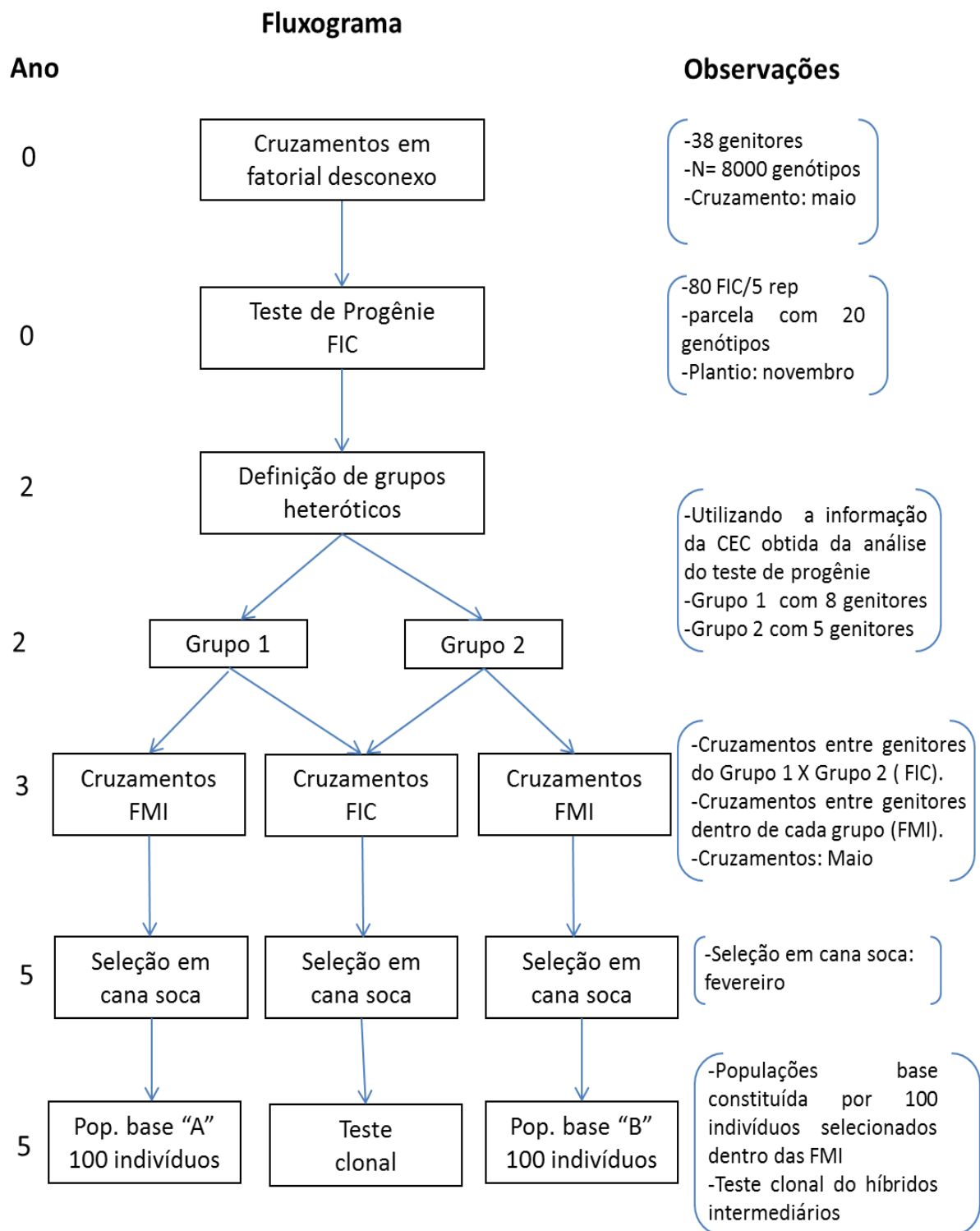


Figura 1- Fluxograma para formação das populações base para Seleção Recorrente Recíproca em cana-de-açúcar.

A proposta é que cada população (A e B) deverá ser composta por 100 indivíduos. Para iniciar o processo de recorrência (Figura 2), estes indivíduos deverão ser cruzados para obtenção de 200 famílias de irmãos completos (100 Pop.A x Pop.B; 100 Pop.B x Pop.A), à serem avaliadas em experimentos com repetição. As informações destes experimentos irão auxiliar na escolha de genitores a serem recombinados em cada população, e ainda na seleção entre e dentro em cana soca. A recombinação deverá ser feita com 10% dos melhores indivíduos em cada população, formando assim um novo ciclo (nova população).

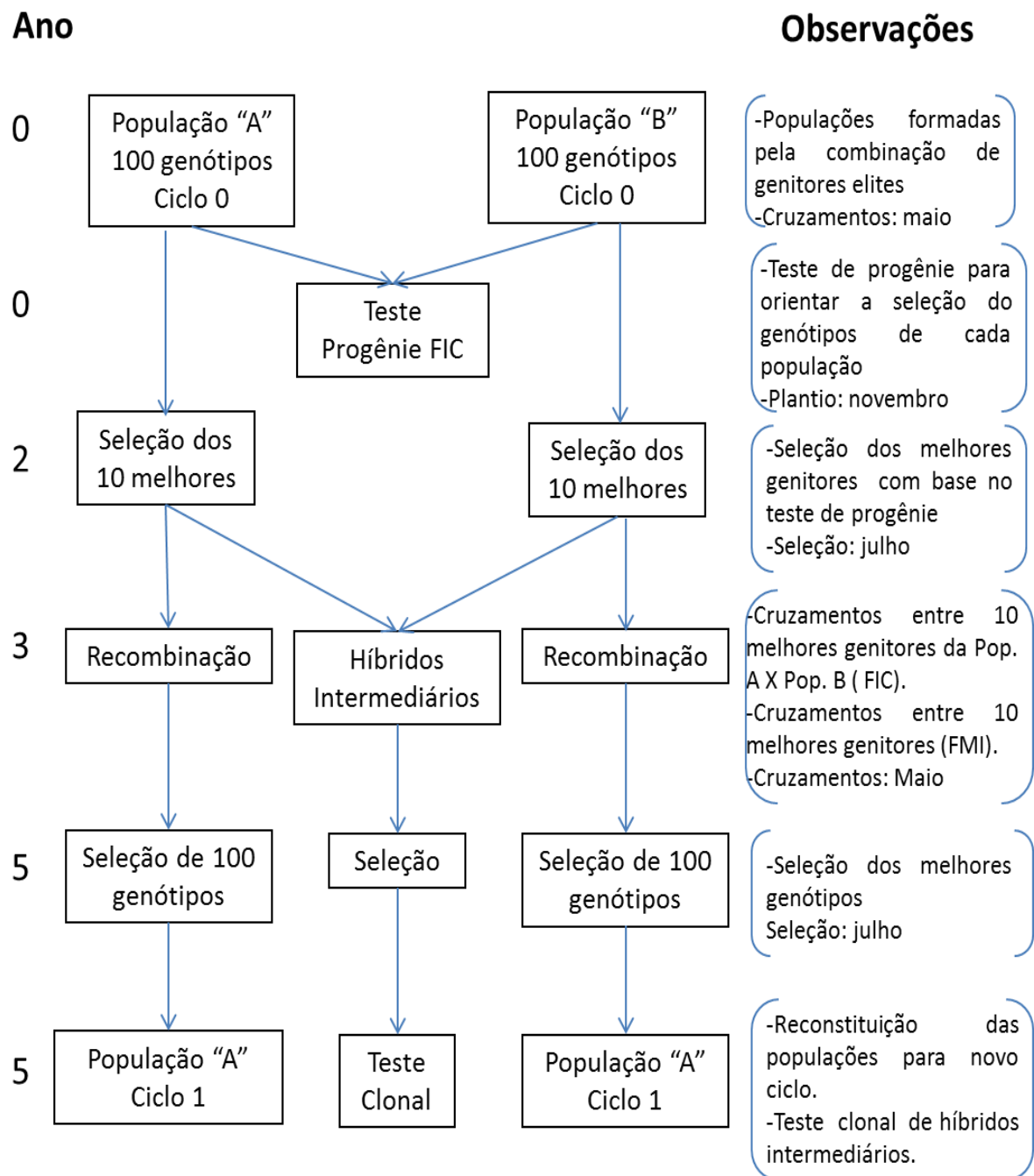


Figura 2 – Esquema de condução de populações segregantes no processo de Seleção Recorrente Recíproca.

4. Conclusões

Houve grande variabilidade genética entre as famílias avaliadas.

Os efeitos não aditivos foram predominantes para explicar a variação genética entre as famílias para TCH, TPH e TFH. Para os caracteres brix, fibra e PCC o efeito predominante foi o aditivo.

Os grupos heteróticos foram: Grupo 1 (SP832847, RB855046, RB979505, RB008304, RB00503, RB008296, RB01461, RB 961012) e Grupo 2 (RB92579, RB99386, RB99382, RB011685, RB998118).

Propõe-se o uso do esquema de Seleção Recorrente Recíproca para cana-de-açúcar.

5. Referências Bibliográficas

- Alarmelu, S.; Hemaprabha, G.; Nagarajan, R.; Shanthi, R.M. (2010) Combining ability for yield and quality in Sugarcane Electronic Journal of Plant Breeding, 1(4):742-746.
- Barbosa, G.V.S.; Cruz, M.M.; Soares, L.; Rocha, A.M.C.; Ribeiro, C.A.G.; Sousa, A.J.R.; Lopes, J.; Ferreira, C.; Barreto, E.J.S.; Silva, W.C.M.; Santos, A.V.P. (2002) A brief report on sugarcane breeding program in Alagoas, Brazil. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 2, n. 4, p. 613-616.
- Barbosa, M.H.P. (2001) Study of genetic divergence in sugar cane varieties grown in Brazil using the parentage coefficient. International Sugar Journal. v.103, n.1231, p.294-295.
- Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Dias, L.A.S.; Barbosa, G.V.S.; Oliveira, R.A.O.; Peternelli, L.A.; Daros, E. (2012) Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. Crop Breeding and Applied Biotechnology S2: 87-98.
- Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Peternelli, L.A.; Bressiani, J.A.; Silveira, L.C.I.; Silva, F.L.; Figueiredo, I.C.R. (2004) Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 4, n.2, p.218-226.
- Bastos, I.T.; Barbosa, M.H.P.; Cruz, C.D.; Burnquist, W.L.; Bressiani, J.A.; Silva, F.L. (2003) Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. Bragantia, v.62, n.2, p199-206.
- Bressiani, J.A. (1993) Herdabilidade e repetibilidade dos componentes da produção na cultura da cana-de-açúcar. M.S. Thesis. Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- Bressiani, J.A. (2001) Seleção sequencial em cana-de-açúcar. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Piracicaba, SP: USP, Escola superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 134p.
- Bressiani, J.A.; Burnquist, W.L.; Fuzatto, S.R.; Bonato, A.L.V.; Geraldi, I.O. (2002) Combining ability in eight selected clones of sugarcane (*Saccharum* sp). Crop Breeding and Applied Biotechnology, Londrina, v.2, n.3, p.411-416.
- Burdon, R.D e Buijtenen J.P van (1990) Expected efficiencies of mating designs for reselection of parents. Canadian Journal of Forest Research. 1990, 20: 1664-1671.
- Caldas, C. (1998) Manual de análises selecionadas para indústrias sucroalcooleiras. Maceió: Sindicato da Indústria e do Alcool do Estado de Alagoas, 438p.

Carvalho, M.P. (2012) Efficiency of among and within family selection in plant breeding through simulation. Viçosa. UFV. 56p

Couto, M.F.; Peternelli, L.A.; Barbosa, M.H.P. (2013) Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. v. 43, n 6. (aceito)

Cox M.; Hogarth M.; Smith, G. (2000) Cane breeding and improvement. In: Hogarth M.; Allsopp, P. (eds.) Manual of cane growing. PK Editorial Service, Brisbane, p. 91-108.

Cox, M.C. e Hogarth, D.M. (1993) Progress and changes in the South Queensland Variety Development Program. Proceedings International Society Sugarcane Technologists 15:251-255.

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Editora UFV, Viçosa.

Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics. 4.ed. Edinburgh : Longman Group Limited. 464p.

Hogarth, D.M. (1971) Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlations and predicted responses to selection. Australian Journal Agricultural Research 22: 103-109.

Hogarth, D.M. (1977) Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. Australian Journal of Experimental Agriculture, v. 28, p. 257-268.

Hogarth, D.M. (1980) The effect of occidental selfing on the analysis of a diallel cross with sugarcane. Euphytica, Dordrecht, v.29, p.737-746.

Hogarth, D.M.; Wu, K.K.; Heinz, D.J. (1981) Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross desing. Crop Science, v. 21, p. 21-251.

Jackson P.A. (2005) Breeding for improved sugar content in sugarcane. Field Crops Research. 92: 277-290.

Kempthorne, O.(1973) An introduction to genetic statistics. Ames: Iowa State University Press, 545p.

Leite, M.S.O.; Peternelli, L.A.; Barbosa, M.H.P.; Cecon, P.R.; Cruz, C. D.(2009) Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 44, p. 1562-1574, 2009.

- Liu G.; Zhou H.; Hu, H.; Zhu, Z.; Hayat, Y.; Xu, H.; Yang, J. (2007) Genetic analysis for brix weight per stool and its component traits in sugarcane (*Saccharum officinarum*). Journal of Zhejiang University SCIENCE B. 8(12):860-866.
- Machado Junior, G.R.; Walker, D.I.; Bressiani, J.A.; Da Silva, J.A.G. (1995) Emasculation of sugarcane tassels using hot water. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF Sugar Cane Technologists Congress, 22., Cartagena. Proceeding. Cali: Tecnicaña, p.346-352.
- Matsuoka, S.; Garcia, A.A.F.; Arizono, H. (2005) Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borem, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, p. 225-274.
- McRae T.A.; Jackson P.A. (1995) Selection of sugarcane families for the Burdekin River irrigation area. In: Proceedings of the Australian society of sugar cane technologists. Watson Ferguson, Brisbane, p. 134-141.
- Mcrae, T.A.; Erquiaga, D.L.; Jensen, L.F.; Rattey, A.R.; Stringer, J.K. (1998) Bses sugarcane breeding program in the Burdekin. In: Australian Society Of Sugar Cane Technologists, Brisbane. Proceedings. Watson Ferguson: ISSCT. p.196-203.
- Melchinger, A. E.; R. K. Gumber. (1998) Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops, pp. 29–44 in Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants, edited by K. R. Lamkey and J. E. Staub. CSSA, Madison, WI.
- Miller, J.D. (1977) Combining ability and yield component analyses in a five parent diallel cross in sugar cane. Crop Science, Madison, v.17, p.545-547.
- Mohammadi, S. A. e Prasanna, B. M. (2003). Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants - Salient Statistical Tools and Considerations REVIEW & INTERPRETATION. Crop Sci. 431235–1248.
- Oliveira, R.A. (2007) Seleção de Famílias de maturação precoce em cana-de açúcar via REML/BLUP. Tese de Doutorado. Curitiba. UFP. 127p.
- Oliveira, R.A.; Daros, E.; Bessalho Filho, J.C.; Zambon, J.L.C.; Ido, O.T.; Weber, H.; Resende, M.D.V.; Zeni Neto, H. (2008) Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. Scientia Agraria. (UFPR), v. 9, p. 269-274.
- Pedrozo, C.A.; Barbosa, M.H.P.; Silva, F.L.; Resende, M.D.V.; Peternelli, L.A. (2011) Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. Euphytica (Wageningen), v. 181, p. 01-08.

Piepho, H.P.; Möhring, J.; Melchinger, A.E.; Büchse, A. (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161:209–228.

Rao, C.R. (1952) *Advanced Statistical Methods in Biometric Research*. John Wiley Sons, New York, 390p.

Reif, J.C.; Melchinger, A.E.; Frisch, M. (2005) Genetical and mathematical properties of similarity and dissimilarity coefficients applied in plant breeding and seed bank management. *Crop Sci.* 45:1–7.

Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975 p.

Resende, M.D.V. (2007) *Software Selegen-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: Embrapa Florestas, 359p.

Resende, M.D.V.; Barbosa, M.H.P. (2006) Selection via simulated individual blup (blupis) based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.41, n.3, p. 421-429.

Resende, M.D.V.; Duarte, J.B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v.37, n.3, p.182-194.

Resende, M.D.V.; Barbosa, M.H.P. (2005) *Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada*. Embrapa Informação Tecnológica: Colombo. 130p.

Silva, F.L. (2009) *Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado*. Viçosa. UFV. 65p.

Skinner, J.C.; Hogarth, D.M.; Wu, K.K. (1987) Selection methods, criteria, and indices. *Developments in crop science 11: Sugarcane improvement through breeding* DJ Heinz (ed.) Elsevier Amsterdam.

Wu, K.K.; Heinz, D.J.; Meyer, H.K.; Ladd, S.L. (1980) Combining ability and genitor evaluation in five selected clones of sugarcane (*Saccharum* spp.) hybrids. *Theor. Appl. Genet.*, v.56, p.241-244.

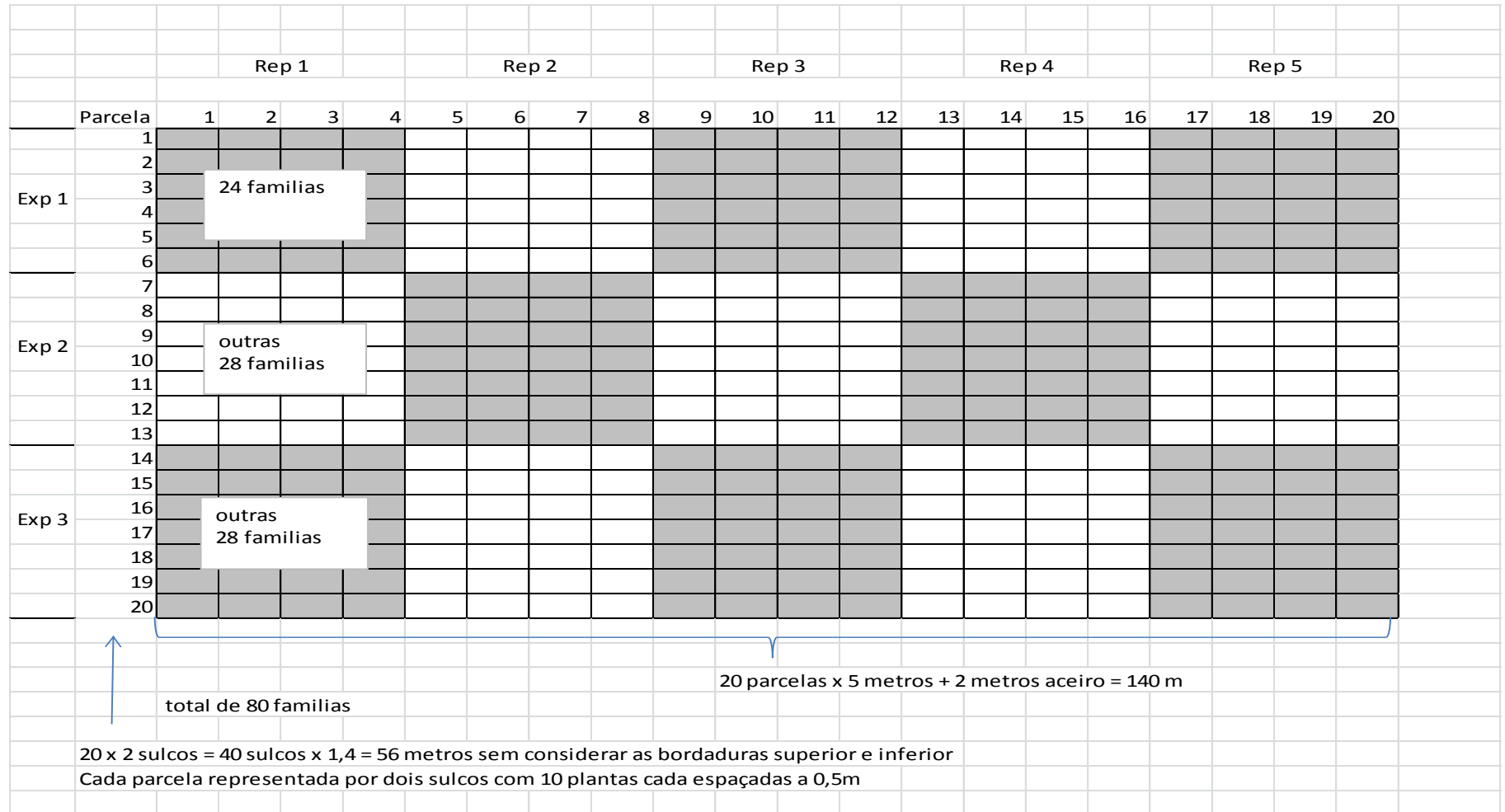
ANEXOS

Anexo 1 – Esquema do cruzamento entre 38 genitores em blocos de 3 x 3 - fatorial desconexo conforme Resende e Barbosa (2005).

Clones	RB99395	RB99386	RB998118	RB92579	RB925211	RB946015	RB011685	RB965586	SP83-2847	RB965688	RB966920	RB998369	RB965635	RB965650	RB965911	RB008304	RB01461	RB956911	RB867515	RB877603	RB965624	RB00503	RB008296	SP91-1049	RB845210	RB855046	RB855156	RB98710	RB99382	RB997984	RB855536	RB928064	RB961012
RB00503	1	1	1																														
RB008296	1	1	1																														
RB008304				1	1	1																											
RB01461				1	1	1																											
RB956911				1	1	1																											
RB845210							1	1	1																								
RB855046							1	1	1																								
RB855156							1	1	1																								
RB855536										1	1	1																					
RB928064										1	1	1																					
RB961012										1	1	1																					
RB965624													1	1	1																		
RB867515													1	1	1																		
RB877603													1	1	1																		
RB925211																1	1	1															
RB946015																1	1	1															
RB92579																	1	1															
RB965635																			1	1	1												
RB965650																				1													
RB965911																			1	1													
RB998118																						1	1	1									
RB99395																						1											
RB99386																						1											
SP83-2847																								1									
RB011685																								1									
RB965586																								1									
SP70-3370																									1	1	1						
RB979505																									1	1	1						
RB987915																									1	1	1						
RB966920																															1	1	1
RB965688																															1	1	
RB998369																															1		

79 famílias + 1 família repetida
Fatorial desconexo 3 x 3

Anexo 2 – Croqui experimental com os tratamentos (Famílias de irmãos completos) organizados em três experimentos, no delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições.



Anexo 3 - Valores Genotípicos das para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas de fibras por hectare (TFH) toneladas pol por hectare (TPH) avaliados em 80 famílias de irmãos completos.

Cruzamentos			Caracteres					
	Fem	Masc	Brix	Fibra	PCC	TCH	TPH*	TFH
1	RB008304	RB92579	18,81	10,97	14,27	132,86	22,94	14,68
2	RB979505	RB99382	18,28	10,46	13,59	125,06	19,87	12,81
3	RB00503	RB99386	17,97	10,11	13,24	125,72	19,32	12,64
4	RB01461	RB92579	18,13	10,36	13,49	123,39	18,69	12,69
5	RB855046	RB011685	19,58	10,18	14,92	105,07	18,68	10,68
6	SP83-2847	RB855046	18,71	10,48	13,60	118,45	18,38	11,82
7	RB008304	RB946015	19,10	11,34	14,23	107,53	18,24	12,47
8	RB008296	RB998118	17,70	10,40	12,99	118,15	17,98	11,81
9	RB99395	RB00503	19,09	10,13	13,93	110,20	17,74	10,90
10	RB99382	RB979505	18,20	10,55	13,62	109,63	17,65	11,55
11	RB011685	RB855046	19,10	10,12	14,62	102,50	17,45	10,20
12	RB01461	RB946015	19,11	10,57	14,37	100,96	17,19	10,48
13	RB956911	RB946015	18,42	10,51	13,75	104,58	16,87	10,65
14	RB01461	RB925211	18,60	10,19	14,19	100,39	16,65	10,07
15	RB928064	RB965688	17,79	10,16	13,17	105,00	16,13	10,56
16	RB946015	RB956911	18,30	10,40	13,67	101,85	16,12	10,13
17	RB855156	SP83-2847	18,60	10,27	13,85	97,62	16,10	9,85
18	RB008304	RB925211	18,78	10,80	14,23	95,77	16,05	10,38
19	RB966920	RB928064	18,82	9,96	14,06	97,58	15,83	9,31
20	SP83-2847	RB855156	18,58	10,33	13,81	95,96	15,68	10,02
21	RB008296	RB99386	17,50	10,28	12,90	105,31	15,23	10,32
22	RB965624	RB965635	18,41	10,02	13,14	101,89	15,23	9,82
23	RB966920	RB855536	18,02	10,03	13,21	101,07	15,19	9,87
24	RB845210	SP83-2847	17,96	10,11	12,91	102,33	15,17	10,20
25	RB99382	SP70-3370	18,54	10,48	13,93	93,73	15,15	9,32

26	RB855046	SP83-2847	19,00	10,76	13,63	96,60	15,10	10,62
27	RB877603	RB965635	17,75	9,77	13,14	96,29	14,94	9,48
28	SP83-2847	RB845210	18,12	10,21	13,15	96,46	14,90	10,02
29	RB965635	RB867515	17,82	10,00	12,93	97,94	14,76	9,67
30	RB965635	RB877603	17,82	9,77	12,92	97,36	14,64	9,47
31	RB925211	RB956911	17,97	10,06	13,53	94,91	14,64	9,23
32	RB965635	RB965624	18,37	10,08	13,51	91,06	14,50	9,00
33	RB965650	RB877603	17,92	9,81	13,47	96,42	14,47	8,91
34	RB965624	RB965650	18,99	10,36	14,29	83,52	14,43	9,02
35	RB998118	RB00503	18,14	10,34	13,06	94,80	14,35	10,02
36	RB979505	RB98710	17,42	10,77	12,62	96,12	14,08	10,69
37	RB998369	RB855536	18,20	10,04	13,25	89,69	14,06	9,11
38	RB877603	RB965911	17,27	9,73	12,92	94,15	14,04	9,23
39	RB865398	RB855589	19,21	10,94	14,45	78,52	13,68	8,87
40	RB855046	RB965586	18,83	10,47	14,15	82,09	13,60	8,90
41	RB855589	RB865398	19,24	10,87	14,29	79,55	13,35	8,76
42	RB965688	RB855536	17,13	10,03	12,41	94,56	13,34	9,14
43	RB011685	RB845210	18,16	9,51	13,82	83,55	13,26	7,63
44	RB92579	RB956911	18,01	10,38	13,50	82,30	13,17	8,80
45	RB877603	RB965650	17,51	9,83	13,02	92,34	13,12	8,62
46	RB961012	RB965688	16,74	10,46	12,20	92,55	12,83	9,77
47	RB956911	RB925211	18,06	10,16	13,63	80,23	12,70	8,20
48	RB946015	RB01461	19,15	10,74	14,29	73,76	12,64	8,23
49	RB998118	RB008296	17,63	10,55	12,83	83,93	12,60	8,96
50	RB987915	RB99382	17,63	10,38	12,94	82,15	12,32	8,61
51	RB928064	RB966920	18,39	10,18	13,79	75,70	12,28	8,01
52	RB979505	RB997984	17,46	10,70	12,71	79,88	12,15	8,53
53	RB946015	RB008304	18,86	11,39	13,94	73,20	12,06	8,65
54	RB965911	RB877603	17,15	9,60	12,80	82,38	12,05	7,76
55	RB00503	RB99395	19,28	10,12	14,32	69,79	11,95	7,07

56	RB845210	RB011685	18,07	9,66	13,53	77,50	11,93	7,45
57	RB965911	RB867515	17,09	9,87	13,41	74,56	11,89	7,24
58	RB845210	RB965586	17,91	9,81	13,49	75,65	11,78	7,23
59	RB92579	RB01461	17,83	10,00	13,46	75,57	11,70	7,22
60	RB867515	RB965635	17,46	10,05	12,62	82,12	11,59	8,18
61	RB855156	RB965586	18,61	9,78	14,09	69,87	11,47	6,64
62	RB965586	RB855156	18,10	10,10	13,36	74,68	11,32	7,63
63	RB987915	RB98710	17,23	10,33	12,51	76,72	11,09	7,63
64	RB855536	RB966920	18,23	10,06	13,52	70,52	11,09	7,13
65	RB965688	RB928064	17,74	10,00	12,94	72,90	10,94	7,03
66	SP70-3370	RB98710	18,02	10,71	13,40	68,66	10,92	7,38
67	RB925211	RB01461	18,75	10,30	14,21	64,91	10,91	6,92
68	RB925211	RB008304	19,02	10,85	14,41	56,17	10,77	6,88
69	SP70-3370	RB99382	18,17	10,70	13,53	58,93	10,29	7,17
70	RB961012	RB966920	18,23	10,32	13,68	62,92	10,10	6,36
71	RB855536	RB998369	17,59	10,05	12,64	69,06	9,97	6,96
72	RB998118	SP91-1049	17,30	10,72	12,36	66,84	9,69	7,33
73	RB008296	RB99395	18,25	10,42	13,50	59,47	9,54	6,37
74	RB00503	RB998118	18,21	10,20	13,28	58,11	9,18	5,95
75	RB99382	RB987915	17,93	10,30	13,32	54,17	8,71	5,78
76	RB987915	RB997984	16,65	10,46	11,74	64,11	8,49	6,69
77	RB855536	RB965688	17,92	10,30	12,98	54,04	8,48	5,91
78	SP70-3370	RB997984	17,67	10,86	12,97	54,05	8,39	6,03
79	RB855156	RB011685	18,56	9,85	14,07	45,01	7,42	4,53
Média			18,18	10,29	13,47	87,10	13,71	8,93

*Ordenados com base em TPH

Anexo 4 – Efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) avaliadas em 80 famílias de irmãos completos.

Cruzamentos			Caracteres					
Fem	Masc		Brix	Fibra	PCC	TCH	TPH*	TFH
1	RB008304	RB92579	0,346	0,075	0,427	41,156	7,744	4,518
2	RB979505	RB99382	0,116	-0,069	0,082	34,286	5,119	2,950
3	RB00503	RB99386	-0,154	0,003	-0,103	34,481	4,661	3,014
4	RB008296	RB998118	0,042	-0,103	0,078	30,980	4,491	2,721
5	RB855046	RB011685	0,473	0,020	0,471	16,320	4,072	1,546
6	RB01461	RB92579	-0,139	0,074	-0,249	32,793	3,972	3,110
7	RB99395	RB00503	0,128	-0,029	-0,003	23,344	3,957	2,097
8	RB008304	RB946015	0,048	0,123	0,046	17,425	3,271	2,499
9	RB01461	RB925211	0,017	-0,024	0,129	14,325	2,908	1,351
10	RB99382	RB979505	0,031	0,017	0,117	18,861	2,900	1,682
11	RB011685	RB855046	-0,004	-0,039	0,180	13,746	2,848	1,072
12	SP83-2847	RB855046	-0,232	-0,132	-0,238	24,474	2,780	1,601
13	RB01461	RB946015	0,258	-0,039	0,294	11,957	2,698	1,097
14	RB928064	RB965688	-0,007	0,014	0,083	16,951	2,418	1,541
15	RB956911	RB946015	0,012	-0,032	0,035	15,156	2,379	1,228
16	RB966920	RB855536	-0,207	-0,037	-0,238	17,064	2,312	1,588
17	RB855156	SP83-2847	0,107	-0,024	0,255	9,732	2,123	0,774
18	RB966920	RB928064	0,268	-0,109	0,216	10,570	2,063	0,546
19	RB99382	SP70-3370	0,149	-0,110	0,158	9,764	1,923	0,701
20	RB008304	RB925211	0,001	-0,017	0,061	8,597	1,832	1,082
21	SP83-2847	RB855156	0,090	0,041	0,214	8,080	1,706	0,940
22	RB946015	RB956911	-0,107	-0,141	-0,045	12,429	1,630	0,703
23	RB965635	RB867515	0,149	-0,003	-0,025	11,157	1,467	1,000
24	RB998369	RB855536	0,284	-0,027	0,242	5,140	1,174	0,678

25	RB965624	RB965635	-0,035	-0,110	-0,264	12,042	1,000	0,540
26	RB877603	RB965635	0,050	0,003	0,270	5,767	0,907	0,358
27	RB925211	RB956911	-0,170	-0,088	-0,174	8,430	0,894	0,472
28	RB845210	SP83-2847	-0,089	-0,028	-0,222	12,037	0,858	0,806
29	RB998118	RB00503	-0,057	0,067	-0,159	7,812	0,794	1,080
30	RB965650	RB877603	0,059	-0,078	0,114	7,542	0,689	0,027
31	RB008296	RB99386	-0,090	-0,063	-0,137	13,883	0,637	0,550
32	RB965635	RB877603	0,118	0,002	0,049	6,839	0,615	0,342
33	SP83-2847	RB845210	0,072	0,073	0,018	6,164	0,594	0,632
34	RB877603	RB965911	0,004	0,024	-0,112	6,229	0,524	0,520
35	RB965688	RB855536	-0,336	-0,128	-0,275	9,515	0,518	0,610
36	RB965624	RB965650	0,389	0,103	0,408	-4,696	0,452	-0,016
37	RB965635	RB965624	-0,075	-0,052	0,109	1,204	0,277	-0,279
38	RB865398	RB855589	0,154	0,147	0,264	-6,628	0,155	0,091
39	RB979505	RB98710	-0,263	0,135	-0,355	6,637	-0,044	1,100
40	RB011685	RB845210	-0,048	-0,173	0,081	-1,522	-0,057	-0,675
41	RB961012	RB965688	-0,477	0,057	-0,472	6,706	-0,179	1,036
42	RB855589	RB865398	0,180	0,078	0,107	-5,599	-0,182	-0,020
43	RB987915	RB99382	-0,123	0,082	-0,149	-0,886	-0,354	0,264
44	RB855046	RB965586	0,025	0,123	0,118	-5,508	-0,490	-0,160
45	RB855046	SP83-2847	0,050	0,149	-0,206	2,621	-0,499	0,396
46	RB877603	RB965650	-0,350	-0,062	-0,332	3,455	-0,664	-0,263
47	RB965911	RB867515	-0,152	-0,072	0,280	-9,625	-0,877	-1,020
48	RB998118	RB008296	-0,035	0,045	-0,078	-3,242	-0,892	-0,126
49	RB987915	RB98710	-0,025	-0,067	-0,048	-5,029	-0,948	-0,449
50	RB855156	RB965586	0,266	-0,247	0,305	-11,630	-0,998	-1,281
51	RB845210	RB965586	0,000	-0,064	0,164	-8,265	-1,024	-1,005
52	RB956911	RB925211	-0,077	0,015	-0,076	-6,256	-1,045	-0,554
53	RB965586	RB855156	-0,240	0,077	-0,425	-6,821	-1,147	-0,285
54	RB979505	RB997984	0,029	0,011	0,028	-7,296	-1,357	-0,623
55	RB845210	RB011685	-0,142	-0,025	-0,202	-7,570	-1,393	-0,852

56	RB965911	RB877603	-0,123	-0,101	-0,236	-5,542	-1,459	-0,950
57	RB928064	RB966920	-0,158	0,111	-0,060	-11,311	-1,482	-0,754
58	RB92579	RB956911	0,183	0,161	0,124	-8,713	-1,549	-0,827
59	SP70-3370	RB98710	0,117	0,020	0,162	-14,013	-1,675	-0,973
60	RB867515	RB965635	-0,210	0,050	-0,343	-4,662	-1,698	-0,499
61	RB855536	RB966920	0,006	-0,009	0,065	-13,485	-1,782	-1,149
62	RB00503	RB99395	0,324	-0,033	0,382	-17,063	-1,840	-1,732
63	RB946015	RB01461	0,293	0,133	0,209	-15,238	-1,851	-1,149
64	RB965688	RB928064	-0,055	-0,146	-0,142	-15,144	-2,773	-1,992
65	RB925211	RB01461	0,170	0,091	0,140	-21,155	-2,836	-1,797
66	RB946015	RB008304	-0,191	0,172	-0,244	-16,906	-2,902	-1,319
67	RB855536	RB998369	-0,320	-0,023	-0,368	-15,491	-2,921	-1,473
68	RB987915	RB997984	-0,363	0,004	-0,522	-15,333	-2,934	-0,947
69	SP70-3370	RB99382	-0,222	0,112	-0,247	-25,042	-2,936	-1,455
70	RB961012	RB966920	0,248	-0,005	0,249	-21,885	-2,962	-2,125
71	RB92579	RB01461	-0,439	-0,283	-0,281	-15,031	-3,023	-2,361
72	RB998118	SP91-1049	-0,180	0,127	-0,288	-17,787	-3,124	-1,231
73	RB925211	RB008304	0,243	0,030	0,240	-31,003	-3,443	-2,424
74	SP70-3370	RB997984	0,010	0,108	0,018	-26,324	-3,587	-1,877
75	RB99382	RB987915	0,183	-0,002	0,236	-28,869	-3,962	-2,566
76	RB008296	RB99395	-0,173	0,032	-0,135	-27,573	-4,185	-2,578
77	RB855536	RB965688	0,447	0,145	0,287	-31,002	-4,343	-2,624
78	RB00503	RB998118	0,020	-0,071	0,061	-28,884	-4,377	-2,996
79	RB855156	RB011685	-0,090	0,011	-0,126	-37,647	-5,569	-3,458

* classificação com base na variável TPH.

Anexo 5 - Efeitos genéticos aditivos (a) preditos via BLUP para os caracteres brix, porcentagem de fibra, pol da cana corrigido (PCC), toneladas cana por hectare (TCH), toneladas pol por hectare (TPH) e toneladas de fibras por hectare (TFH) oriundas do cruzamento em fatorial desconexo entre 38 genitores.

Genitores		Caracteres					Nº Cruzamentos		
		Brix	Fibra	PCC	TCH	TPH	TFH	Fem	Masc
1	SP83-2847	0,284	0,204	-0,224	8,358	1,956	1,499	3	3
2	RB855046	1,420	0,381	1,062	5,686	1,929	1,119	3	2
3	RB92579	-0,158	0,089	0,050	6,322	1,689	1,268	2	2
4	RB979505	-0,281	0,323	-0,312	6,609	1,565	1,459	0	1
5	RB008304	0,906	1,056	0,802	3,172	1,388	1,241	3	2
6	RB99386	-0,783	-0,205	-0,586	6,090	1,253	1,018	3	2
7	RB946015	1,005	0,739	0,723	3,126	1,235	0,874	3	3
8	RB855589	1,453	0,556	1,116	1,664	0,896	0,493	3	1
9	RB00503	0,839	-0,217	0,436	2,479	0,755	0,418	3	2
10	RB928064	0,407	-0,336	0,282	2,499	0,656	0,255	3	2
11	RB99382	0,430	0,103	0,482	1,022	0,636	0,450	2	3
12	RB008296	-0,225	0,250	-0,178	2,843	0,626	0,699	3	1
13	RB965635	-0,007	-0,375	-0,499	4,073	0,607	0,418	2	3
14	RB965624	0,707	0,001	0,460	1,717	0,539	0,319	2	1
15	RB956911	-0,367	-0,287	-0,136	1,798	0,446	0,158	1	3
16	RB01461	0,514	-0,163	0,591	0,963	0,442	0,072	3	3
17	RB877603	-0,776	-0,723	-0,602	3,059	0,145	0,010	3	3
18	RB965650	0,317	-0,127	0,466	0,793	0,113	-0,072	1	2
19	RB011685	0,610	-0,703	0,986	-2,099	-0,024	-0,676	2	3
20	RB925211	0,462	-0,050	0,699	-2,745	-0,263	-0,462	2	3
21	RB998369	-0,118	-0,169	-0,308	-1,303	-0,413	-0,227	1	1
22	RB965911	-0,871	-0,505	-0,167	-1,125	-0,429	-0,414	0	1
23	RB966920	0,508	-0,170	0,569	-2,398	-0,438	-0,541	3	3
24	RB99395	0,895	-0,103	0,598	-2,681	-0,489	-0,632	2	2
25	RB965688	-1,002	0,001	-0,955	-0,316	-0,541	-0,039	2	3

26	RB98710	-0,549	0,301	-0,586	-1,562	-0,631	-0,092	0	3
27	RB845210	-0,370	-0,560	-0,355	-1,678	-0,645	-0,539	2	2
28	SP91-1049	-0,581	0,434	-0,705	-2,240	-0,739	-0,352	3	1
29	RB961012	-0,739	0,177	-0,545	-1,911	-0,743	-0,311	1	0
30	RB998118	-0,637	0,125	-0,845	-2,415	-0,951	-0,353	3	2
31	RB965586	-0,005	-0,327	0,161	-4,408	-1,049	-0,820	3	3
32	RB855536	-0,242	-0,324	-0,509	-3,510	-1,121	-0,721	1	3
33	RB865398	0,477	0,386	0,418	-5,284	-1,145	-0,764	1	1
34	RB855156	0,509	-0,256	0,574	-6,504	-1,315	-1,165	1	2
35	RB867515	-0,841	-0,251	-0,422	-4,425	-1,337	-0,891	0	2
36	SP70-3370	0,172	0,443	0,225	-7,003	-1,484	-1,029	3	1
37	RB997984	-1,043	0,422	-1,164	-6,164	-1,863	-0,984	3	3
38	RB987915	-1,118	-0,143	-1,146	-8,862	-2,594	-1,571	3	1