BRUNO PORTELA BRASILEIRO

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO 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
B823e
2013

Brasileiro, Bruno Portela, 1984-
Estratégias de seleção em cana-de-açúcar / Bruno Portela Brasileiro. – Viçosa, MG, 2013.
xii, 62 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui anexos.
Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Cana-de-açúcar. 2. Cana-de-açúcar - Seleção - Métodos estatísticos. 3. Processo decisório. 4. BLUP. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Estatística. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.61

BRUNO PORTELA BRASILEIRO

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO 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: 22 de novembro de 2013.

_____	_____
Sebastião Martins Filho	Felipe Lopes da Silva
_____	_____
Volmir Kist	Cosme Damião Cruz (Coorientador)

_____
Luiz Alexandre Peternelli
(Orientador)

“A vida sem luta é um mar morto no centro do organismo universal”

Machado de Assis

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por me dar saúde, sabedoria e paciência.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização da minha tese.

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

Aos meus pais, José e Ademilde, meus irmãos, Fernanda e Marcos, minha tia Ari e a Rosilane, por todo o apoio ao longo da minha trajetória.

Ao meu orientador, Luiz Alexandre Peternelli, por todas as oportunidades oferecidas desde que ingressei no Doutorado e principalmente pelos ensinamentos, orientação, confiança e motivação.

Ao meu coorientador Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela oportunidade de desenvolver minha pesquisa no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da UFV e por todo o apoio, ensinamento, confiança e motivação.

Ao meu coorientador Cosme Damião Cruz pelo incentivo no uso de redes neurais artificiais no melhoramento genético e principalmente, pelos ensinamentos ao longo das disciplinas e pela oportunidade de poder aprender com um pesquisador que tenho como exemplo e uma das minhas principais referências.

Aos funcionários do centro de pesquisa em cana-de-açúcar (CECA): José Russo, Luis Cláudio, Vicente, Daniel, Tião, Geraldo, Marquinhos, Silvana, Teco, Zé Carlos, Zezé, Eduardo, Boião e demais trabalhadores que foram fundamentais na execução das atividades de campo.

A todos os meus colegas da UFV, em especial aos estudantes e pesquisadores que fazem ou fizeram parte do PMGCA/UFV e que cada um ao seu tempo colaboraram com o desenvolvimento desse trabalho, em especial ao Caillet, Paulo Mafra, Volmir, Thiago, Mateus e Sabrina.

A todos os integrantes da República Pommerhaus em especial a nossa querida D. Luzia ao Ricardo e o Jurandir pelos momentos de descontração e inspiração.

Aos grandes amigos que fiz em Viçosa nesse período de pós-graduação, Diego, Afonso, Ana Maria, Gislâyne, Luiz e Ronaldo.

Vocês todos foram fundamentais nessa etapa.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS vii
LISTA DE FIGURAS ix
LISTA DE ANEXOS xi
RESUMO xi
ABSTRACT xii
INTRODUÇÃO GERAL 1
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 3
CAPÍTULO 1 4
ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR 4
RESUMO 5
ABSTRACT 6
1. INTRODUÇÃO 7
2. MATERIAL E MÉTODOS 9
2.1. Fase de teste 1 - T1 9
2.1.1. Material vegetal 9
2.1.2. Avaliação de famílias 10
2.2. Estratégias de seleção no T1 10
2.2.1. Seleção Massal 10
2.2.2. Seleção via BLUP-seq 11
2.2.3. Seleção via BLUPIS 12
2.2.4. Seleção via número de colmos (seleção via NC) 12
2.3. Fase de teste 2 - T2 13
2.3.1. Material vegetal 13
2.3.2 Avaliação clonal 13
2.4. Estratégias de seleção no T2 14
2.4.1. Seleção Massal 14
2.4.2. Seleção via BLUP para TCH e TPH 14
2.5. Comparação das estratégias 14
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 15
3.1. Seleção no T1 15
3.2. Seleção no T2 20

4. CONCLUSÃO 24
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 24
CAPÍTULO 2 28
IMPORTÂNCIA DOS CARACTERES AGRONÔMICOS NO PROCESSO DE SELEÇÃO INDIVIDUAL EM CANA-DE-AÇÚCAR 28
RESUMO 29
ABSTRACT 30
1. INTRODUÇÃO 31
2. MATERIAL E MÉTODOS 32
2.1. Fase de teste 1 - T1 32
2.2. Avaliação fenotípica no T1 32
2.3. Fase de teste 2 - T2 33
2.4. Avaliação fenotípica no T2 33
2.5. Seleção massal 34
2.6. Regressão logística 34
2.7. Seleção no T2 via árvore de decisão 35
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 36
4. CONCLUSÃO 45
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 45
CAPÍTULO 3 48
NOVAS ESTRATÉGIAS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR 48
1. NOVAS ESTRATÉGIAS. 49
2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 52
CONCLUSÕES GERAIS 53
ANEXOS 54

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais para tonelada de cana por hectare (TCH) em 128 famílias de meio-irmãos de cana-de-açúcar, série RB10, Oratórios-MG, Brasil, 2012..... 15

Tabela 2 - Número de indivíduos selecionados pelos métodos Massal-1, Massal-2, BLUPIS, BLUP-seq e seleção via Número de Colmos (NC) nas 63 famílias de meio-irmãos (FMI) com os maiores valores genotípicos para a variável TCH (VG TCH) na série RB10, Oratórios-MG, Brasil, 2012..... 17

Tabela 3 - Número total de indivíduos (n_i) e famílias (n_f) selecionadas em todo o experimento (T1) e apenas nas 63 melhores famílias (TOP-63) pelos cinco procedimentos de seleção..... 19

Tabela 4 - Ganho de seleção predito (GS Predito) e ganho de seleção realizado (GS Real) para TCH em cada estratégia de seleção aplicada no T1, além do GS Predito para TCH e TPH a partir das estratégias de seleção aplicada no T2..... 19

Tabela 5 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais para tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de cana por hectare (TCH), em 659 clones (T2), série RB10, Oratórios-MG, Brasil, 2013..... 20

Tabela 6 - Número de indivíduos (n_i) e famílias (n_f) selecionadas por quatro estratégias aplicadas na fase T2 nos 659 clones (T2) e os clones selecionados e descendentes das melhores famílias do T1 (TOP-63)..... 21

Tabela 7 - Valor genotípico dos caracteres tonelada de cana por hectare (VG TCH) e tonelada de sacarose por hectare (VG TPH) nas 32 famílias (FMI) com os 66 clones de maior média para TCH, além do número de indivíduos selecionados nessas famílias por cada estratégia aplicada em T2..... 23

CAPÍTULO 2

Tabela 1 - Coeficientes de regressão (β_i), desvio-padrão (DP), p-valor e odds ratio (OR) das variáveis explicativas (caracteres) usadas nos modelos logísticos ajustados para as seleções massal realizadas nas fases T1 e T2..... 37

Tabela 2 - Classificações pelos modelos de regressão logística usando como resposta a seleção massal aplicada no T1 e no T2..... 41

Tabela 3 - Clones com as maiores médias para TCH e TPH, classes (SIM ou NÃO) para os caracteres agronômicos usados na seleção via árvore de decisão, ordem dos clones (1 a 66) para TCH e TPH e o resultado (1 = seleção e 0 = rejeição) da seleção massal (SM) e via Árvore de Decisão (AD)..... 44

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 2

Figura 1 - Importância dos caracteres agronômicos no processo de seleção massal durante as fases T1 (a) e T2 (b) do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da UFV (PMGCA/UFV). NC = número de colmos, AC = Altura de colmos, DC = diâmetro de colmos, GE = saliência da gema, RC = presença de rachadura, CT = colmos tardios, AF = arquitetura foliar, ET = comprimento do entre-nó, CF = chochamento fisiológico, VIG = vigor da planta, OCA = presença de ocamento..... 36

Figura 2 - Imagens de uma gema pouco saliente (a), preferível no plantio mecanizado e de uma gema grande (b), característica indesejada nas novas cultivares..... 39

Figura 3 - Histogramas das distribuições do número de colmos por metro linear nos genótipos avaliados nas populações das fases T1 (a) e T2 (b) do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da UFV (PMGCA/UFV)..... 40

Figura 4 - Árvore de decisão na seleção de genótipos na fase T2 do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da UFV (PMGCA/UFV)..... 42

CAPÍTULO 3

Figura 1 - Esquema de integração de diferentes procedimentos experimentais e estratégias de seleção para o aumento da eficiência dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar. Fonte: Brasileiro, B.P. (2013)..... 51

LISTA DE ANEXOS

ANEXO 1 - Mapa de campo do experimento 1..... 55

ANEXO 2 - Mapa de campo do experimento 2..... 56

ANEXO 3 - Mapa de campo do experimento 3..... 57

ANEXO 4 - Mapa de campo do experimento 4..... 58

ANEXO 5 - Mapa de campo do experimento 5..... 59

ANEXO 6 - Mapa de campo do experimento 6..... 60

ANEXO 7 - Mapa de campo do experimento 7..... 61

ANEXO 8 - Famílias de meio-irmãos avaliadas e seus respectivos códigos usados no mapa de campo..... 62

RESUMO

BRASILEIRO, Bruno Portela, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2013. **Estratégias de seleção em cana-de-açúcar.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli. Coorientadores: Márcio Henrique Pereira Barbosa e Cosme Damião Cruz.

O objetivo desse trabalho foi comparar diferentes procedimentos de seleção em cana-de-açúcar, além de avaliar a importância dos caracteres agronômicos durante a seleção massal aplicada nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético. Na fase de teste 1 (T1) foi realizada a seleção em 128 famílias de meio-irmãos pelo método visual, realizado por dois melhoristas (Massal-1 e Massal-2), seleção via número de colmos (seleção via NC), seleção via BLUP-seq e seleção via BLUPIS. Na fase T2 a seleção foi realizada via Massal-1 e Massal-2 e via BLUP para tonelada de cana por hectare (TCH) e para tonelada de sacarose por hectare (TPH). As estratégias de seleção aplicadas na fase T1 selecionaram 659 clones, havendo coincidências entre as estratégias. Desses clones 174 foram selecionados pelo Massal-1, 101 pelo Massal-2, 278 pela seleção via NC, 407 pelo BLUPIS e 417 pelo BLUP-seq. Na fase T2, foram selecionados 184 clones, havendo seleções coincidentes entre as estratégias. Desses clones, 113 foram selecionados pelo Massal-1, 35 pelo Massal-2, 66 clones foram selecionados via BLUP para tonelada de cana por hectare (TCH) e 66 via BLUP para tonelada de sacarose por hectare (TPH). Dos 66 genótipos com as maiores médias para TCH, 13 foram selecionados no T1 pelo Massal-1, 4 pelo Massal-2, 20 pela seleção via NC, 42 pelo BLUPIS e 56 pelo BLUP-seq. Desses 66 clones, 67% pertencem a 19 (15%) das 26 (20%) melhores famílias avaliadas no T1. A seleção via BLUP-seq foi a que mais contribuiu para a seleção dos clones com as maiores médias para TCH e TPH. Os caracteres número de colmos, saliência da gema e comprimento do entre-nó foram os de maior importância no processo de seleção massal realizado no T1. Vigor da planta, diâmetro de colmo e altura de colmo foram os mais importantes durante a seleção no T2. Novas estratégias de experimentação e seleção são apresentadas e podem ser incorporadas aos programas de melhoramento da cana-de-açúcar de forma a acelerar a obtenção de novas cultivares.

ABSTRACT

BRASILEIRO, Bruno Portela, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, november, 2013. **Selection strategies in sugarcane.** Adviser: Luiz Alexandre Peternelli. Co-advisers: Márcio Henrique Pereira Barbosa and Cosme Damião Cruz.

The aim of this study was to compare different procedures of selection in sugarcane, besides evaluating the importance of agronomic characters during the individual selection (mass) applied in the initial phases of the genetic improvement programs. In the test phase 1 (T1) selection was performed in 128 families of half-sibs by the visual method, by two breeders (Mass-1 and Mass-2), selection via number of stalks (NC selection), selection by BLUP-seq and selection via BLUPIS. In T2 phase selection was performed via Massal - 1 and mass - 2 and via BLUP for tonnes of cane per hectare (TCH) and tonnes of sugar per hectare (TPH). Selection strategies applied in T1 stage selected 659 clones, with matches between the strategies. Of these 174 clones were selected by Massal-1, 101 by Massal-2, 278 by NC selection, 407 by BLUPIS and 417 by BLUP-seq. The selection strategies applied in T2 selected 184 clones. Out of these clones, 113 were selected by Mass-1, 35 by Mass-2, 66 clones were selected through BLUP for TCH and 66 through BLUP for TPH. Out of the 66 genotypes with the highest averages for TCH, 13 were selected in T1 through Mass-1, 4 through Mass-2, 20 through NC selection, 42 through BLUPIS and 56 through BLUP-seq. Out of the 66 clones, 67% belonged to 19 (15%) of 26 (20%) best evaluated families in T1. The selection through BLUP-seq was the one that most contributed for the clone selection with the highest averages for TCH and TPH. The characters: stalks number, bud salience and the internode length were the ones of biggest importance during the process of visual selection done in T1. The plant vigor, stalks diameter and height were the most important ones during the selection in T2. New experimental and selection strategies are presented and must be incorporated to the sugarcane improvement programs in order to accelerate the obtainment of new varieties.

INTRODUÇÃO GERAL

No melhoramento de cana-de-açúcar o processo de desenvolvimento de novas cultivares envolve o que se convencionaram denominar de fases T1, T2, T3, FE e FM, isto é, primeira, segunda e terceira fase de teste, fase experimental e fase de multiplicação clonal, respectivamente (Barbosa e Silveira, 2010).

Uma das etapas mais importantes no melhoramento da cana-de-açúcar é a fase inicial (T1), onde são realizadas as primeiras seleções de plantas ou de famílias. Após a fase T1 novos materiais não são mais introduzidos, o que torna a seleção executada nessa fase crucial para o sucesso do programa.

Embora a seleção massal seja aplicada rotineiramente nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético, esse tipo de seleção tem sofrido críticas devido a sua ineficiência. A seleção de famílias seguida da seleção individual apresentaria maiores ganhos que a simples seleção massal, principalmente em caracteres de baixa herdabilidade.

A estratégia de seleção ótima em cana-de-açúcar seria através da predição de valores genotípicos usando o BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) individual (BLUPI) (Resende 2002). Porém, esse método dificilmente é usado na fase T1 devido a problemas operacionais relacionados à obtenção dos dados em nível de planta.

Na prática, as diferentes estratégias desenvolvidas para a seleção de famílias consideram as informações totais das parcelas e em seguida identificam os melhores genótipos.

Stringer et al. (2011) sugerem que a seleção seja feita em 40% das famílias avaliadas. As famílias com as maiores médias para TCH são divididas em 4 grupos. No melhor grupo são selecionados 40% dos indivíduos em cada família, e nos outros 3 grupos restantes são selecionados, respectivamente, 30, 20 e 10% dos indivíduos de cada família dos grupos, resultando no procedimento denominado BLUP sequencial (BLUP-seq).

Resende e Barbosa (2006) propõem a seleção das famílias com valores genotípicos acima da média geral, seguido da simulação do número de indivíduos a serem selecionados em cada família de acordo com a relação entre os seus valores genotípicos e do número de indivíduo que se deseja

selecionar na melhor família, resultando no procedimento denominado BLUP individual simulado (BLUPIS).

Nas diferentes estratégias a primeira etapa consiste na identificação das melhores famílias e na segunda etapa é realizada a seleção visual, fazendo uso principalmente da combinação e magnitude dos caracteres componentes da produção: número de colmos, diâmetro de colmo e altura de colmo.

A seleção visual é fundamental na identificação dos melhores genótipos presentes nas melhores famílias. Embora os componentes da produção sejam importantes, fatores como susceptibilidade a doenças, saliência da gema, florescimento e chochamento fisiológico exercem influência na tomada de decisão do melhorista em selecionar ou rejeitar um determinado genótipo. Portanto, compreender a importância e o efeito de cada um dos caracteres agronômicos no processo de seleção, torna-se essencial para aumentar a eficiência na identificação dos melhores genótipos durante as fases iniciais de seleção.

A análise de regressão logística pode ser aplicada para avaliar o efeito ou poder de discriminação de cada um dos caracteres agronômicos usados como critérios de seleção, além de calcular probabilidades que podem ser usadas na predição dos indivíduos a serem selecionados (Agresti, 2007).

O objetivo desse trabalho foi comparar diferentes procedimentos de seleção em cana-de-açúcar, além de avaliar a importância dos caracteres agronômicos durante a seleção massal aplicada nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético.

Essa tese está organizada em três capítulos. No primeiro capítulo são avaliados diferentes procedimentos de seleção entre e dentro de famílias na fase T1 e durante a seleção clonal na fase T2. No segundo capítulo foi avaliado a influência de diferentes caracteres agronômicos no processo de seleção individual aplicado nas fases T1 e T2 do programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Viçosa (PMGCA/UFV). No último capítulo novas estratégias de seleção e experimentação são apresentadas visando tornar os programas de melhoramento da cana-de-açúcar mais eficientes na seleção, tanto das melhores famílias quanto dos melhores indivíduos. As novas estratégias propostas poderão aumentar a precisão nas etapas iniciais de

seleção sem que ocorra acréscimo no tempo necessário para o lançamento de novas cultivares.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRESTI, A. **An introduction to categorical data analysis**. 2ª ed. Hoboken: John Wiley & Sons, 2007.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. (2010) **Melhoramento Genético e Recomendação de Cultivares**. In: Santos, F.; Borém, A. e Caldas, C. Editores. *Cana-de-açúcar:* Bioenergia, Açúcar e Álcool - Tecnologias e Perspectivas. Viçosa, MG – Suprema, 578p.

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

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.421-429, 2006.

STRINGER, J. K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X.; HOGARTH, D. M. Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. **Sugar Tech**, v.13, p.36–41, 2011.

CAPÍTULO 1

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR

VIÇOSA
MINAS GERAIS- BRASIL
2013

RESUMO

O objetivo desse trabalho foi comparar diferentes procedimentos de seleção em cana-de-açúcar, visando aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético. Na fase de teste 1 (T1) foi realizada a seleção em 128 famílias de meio-irmãos pelo método visual, realizado por dois melhoristas (Massal-1 e Massal-2), seleção via número de colmos (seleção via NC), seleção via BLUP-seq e seleção via BLUPIS. Na fase T2 a seleção foi realizada via Massal-1 e Massal-2 e via BLUP para tonelada de cana por hectare (TCH) e para tonelada de sacarose por hectare (TPH). As estratégias de seleção aplicadas na fase T1 selecionaram 659 clones, havendo coincidências entre as estratégias. Desses clones 174 foram selecionados pelo Massal-1, 101 pelo Massal-2, 278 pela seleção via NC, 407 pelo BLUPIS e 417 pelo BLUP-seq. Na fase T2, foram selecionados 184 clones, havendo seleções coincidentes entre as estratégias. Desses clones, 113 foram selecionados pelo Massal-1, 35 pelo Massal-2, 66 clones foram selecionados via BLUP para tonelada de cana por hectare (TCH) e 66 via BLUP para tonelada de sacarose por hectare (TPH). Dos 66 genótipos com as maiores médias para TCH, 13 foram selecionados no T1 pelo Massal-1, 4 pelo Massal-2, 42 pelo BLUPIS e 56 pelo BLUP-seq. Desses 66 clones, 67% pertencem a 19 (15%) das 26 (20%) melhores famílias avaliadas no T1. A seleção via BLUP-seq foi a que mais contribuiu para a seleção dos clones com as maiores médias para TCH e TPH.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., Seleção massal, Seleção de famílias.

ABSTRACT

The aim of this study was to compare different procedures of sugarcane selection, in order to increase the efficiency of genetic improvement programs. In the test phase 1 (T1) selection was performed in 128 families of half-sibs by the visual method, by two breeders (Mass-1 and Mass-2), selection by number of stalks (NC selection), selection by BLUP-seq and selection by BLUPIS. In T2 phase selection was performed via Massal - 1 and mass - 2 and via BLUP for tonnes of cane per hectare (TCH) and tonnes of sugar per hectare (TPH). Selection strategies applied in T1 stage selected 659 clones, with matches between the strategies. Of these 174 clones were selected by Massal-1, 101 by Massal-2, 278 by NC selection, 407 by BLUPIS and 417 by BLUP-seq. The selection strategies applied in T2 selected 184 clones. Out of these clones, 113 were selected by Mass-1, 35 by Mass-2, 66 clones were selected through BLUP for TCH and 66 through BLUP for TPH. Out of the 66 genotypes with the highest averages for TCH, 13 were selected in T1 through Mass-1, 4 through Mass-2, 20 through NC selection, 42 through BLUPIS and 56 through BLUP-seq. Out of the 66 clones, 67% belonged to 19 (15%) of 26 (20%) best families evaluated in T1. The selection through BLUP-seq was the one that most contributed for the clone selection with the highest averages for TCH and TPH.

Keywords: *Saccharum* spp., Mass selection, Family selection.

1. INTRODUÇÃO

A produção da cana-de-açúcar desempenha papel fundamental na economia do Brasil, sendo grande aliada na busca pela balança comercial favorável. Sua importância tem sido cada vez maior, principalmente com o interesse na obtenção de fontes alternativas de energia renovável.

Devido à crescente demanda mundial pela produção de biocombustíveis, a produção de cana-de-açúcar no Brasil tem aumentado consideravelmente nos últimos anos, com a utilização de novas áreas agrícolas, incluindo regiões com condições edafoclimáticas adversas (Endres et al., 2010; Silva et al., 2012).

A produtividade média das cultivares brasileira está muito aquém do que se pode atingir com o potencial genético da cultura. Para que maior produção seja alcançada, sem que ocorram grandes incorporações de novas áreas, clones cada vez mais produtivos e adaptados a essas novas regiões devem ser indicados pelos programas de melhoramento em menor espaço de tempo (Waclawovsky et al., 2010).

Uma das etapas mais importantes no melhoramento da cana-de-açúcar é a fase inicial (T1), onde são realizadas as primeiras seleções de plantas ou de famílias (Oliveira et al., 2008). Por meio de processo de propagação vegetativa, o material selecionado nessa fase é conduzido para as fases seguintes, onde são plantados em delineamentos com repetições para melhor identificar aqueles que sejam potencialmente superiores. Os materiais selecionados serão, então, incluídos nos experimentos de avaliação (fase experimental - FE), em diferentes locais e anos sucessivos. É importante enfatizar que, após a fase T1, novos materiais não são mais introduzidos no processo de seleção, ou seja, os genótipos das fases T2, T3, FE e FM formam um subconjunto daqueles presentes na fase T1. Assim, a seleção executada em T1 é crucial para o sucesso do programa de melhoramento.

Usualmente, o que vem sendo realizado nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é a seleção individual de clones, ou seja, a seleção massal. No entanto, esse método aplicado nos estágios iniciais dos programas tem se mostrado ineficiente. Kimbeng e Cox (2003) e Stringer et al. (2011) discutem que a seleção de famílias, seguida da seleção individual de

clones, apresenta maior ganho genético do que a simples seleção de clones ou de famílias, uma vez que a seleção para os caracteres que apresentam herdabilidade baseada nas médias de famílias é maior do que a herdabilidade ao nível de plantas individuais.

De fato, pode-se mostrar que a seleção massal praticada dentro de famílias com elevados valores genotípicos pode acarretar em maior probabilidade de se encontrar clones superiores em suas respectivas progênies (Barbosa et al., 2005). Com base nesta premissa, alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar no mundo têm praticado rotineiramente a seleção de famílias antes da obtenção dos clones (Bressiani, 2005; Kimbeng e Cox, 2003; Stringer et al., 2011).

Algumas estratégias alternativas à seleção massal são sugeridas pela comunidade científica. Resende (2002) mostra que a estratégia de seleção ótima em cana-de-açúcar seria através da predição de valores genotípicos usando o BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) individual (BLUPI). Este procedimento usa simultaneamente a informação de família e de indivíduos para a seleção. No entanto, esse método dificilmente é usado em programas de melhoramento devido a problemas operacionais relacionados à obtenção dos dados em nível de planta.

Na prática, a seleção de famílias na fase inicial do melhoramento da cana-de-açúcar é realizada considerando informações a nível de parcelas, pois as mesmas são colhidas totalmente. Assim, são citadas as estratégias para realizar a seleção em duas etapas (Resende e Barbosa, 2006; Stringer et al., 2011). Basicamente esses autores propõem selecionar inicialmente as melhores famílias e, numa segunda etapa, identificar os melhores indivíduos dentro dessas melhores famílias.

Stringer et al. (2011) sugerem que a seleção seja feita em 40% das famílias avaliadas. As famílias com as maiores médias para TCH são divididas em 4 grupos. No melhor grupo são selecionados 40% dos indivíduos em cada família, e nos outros 3 grupos restantes são selecionados, respectivamente, 30, 20 e 10% dos indivíduos de cada família dos grupos, resultando no procedimento denominado BLUP sequencial (BLUP-seq).

Resende e Barbosa (2006) propõem a seleção das famílias com valores genotípicos acima da média geral, seguido da simulação do número de

indivíduos a serem selecionados em cada família de acordo com a relação entre os seus valores genotípicos e do número de indivíduo que se deseja selecionar na melhor família, resultando no procedimento denominado BLUP individual simulado (BLUPIS).

Ambas as propostas são baseadas nos valores genotípicos das famílias avaliadas a campo. Estes procedimentos são realizados a partir da análise de modelos mistos via REML/BLUP. No entanto, para usar essa metodologia, é necessário pesar todas as parcelas ou pelo menos uma amostra por parcela, o que muitas vezes restringe o número de famílias a serem avaliadas por vez. Como forma de contornar o problema de pesagem de todas as parcelas no campo, tem-se buscado alternativas para a coleta de dados, dando agilidade ao processo de seleção de família. Nesse sentido, a categorização de variáveis consideradas componentes da produção de cana-de-açúcar (número de colmos na parcela, diâmetro médio de colmos e altura média de colmos), se devidamente definida e validada experimentalmente, permitiria grande redução do tempo gasto na coleta de dados (Bernardes, 2013).

O objetivo desse trabalho foi comparar diferentes procedimentos de seleção em cana-de-açúcar nas fases iniciais (T1 e T2), visando aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Fase de Teste 1 - T1

2.1.1. Material vegetal

As sementes das 128 famílias de meio-irmãos utilizadas nesta pesquisa foram produzidas a partir de cruzamentos realizados na Estação Experimental da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, AL, em 2010.

As plântulas, após aclimatação, foram enviadas para a instalação do experimento na área experimental do Centro de Pesquisa e Melhoramento de Cana-de-Açúcar (CECA) pertencente a Universidade Federal de Viçosa, no

município de Oratórios, MG, com latitude 20º25'S; longitude 42º48'W; altitude 494m; solo LVE.

AS 128 famílias foram distribuídas em 7 experimentos, no delineamento em blocos casualisados com 6 repetições. Cada experimento foi constituído de 20 famílias, sendo que duas famílias (RB011532 × ? e SP80-3250 × ?) estavam presentes em todos os experimentos, o que permitiu a realização da análise agrupada dos mesmos. As 840 parcelas avaliadas foram constituídas por 10 plantas, distribuídas em um sulco de 5m de comprimento, espaçados em 1,40m, totalizando 8.400 plantas.

2.1.2. Avaliação de Famílias

A avaliação das famílias no experimento T1 foi realizada durante os meses de junho e julho de 2012, no estágio de cana soca. Os caracteres avaliados e utilizados como critério de seleção foram: altura média de colmo por parcela (AC) em metros, mensurando-se um colmo de cada touceira, desde a base até a primeira folha cuja seção compreendida entre o limbo foliar e a bainha esteja visível; diâmetro médio de colmo por parcela (DC) em centímetros, mensurando-se, com paquímetro digital, o terceiro internódio, contado da base do colmo para o ápice, de um colmo por touceira e número de colmo por parcela (NC).

A massa de cada parcela (MP), em quilogramas, foi estimada pela seguinte fórmula (Chang e Milligan, 1992): $MP = \pi \times NC \times AC \times (DC/2)^2 \times d$, em que π é a constante pi, d é a densidade do colmo, considerada igual a 1 gcm^{-3}. Com isso foi possível estimar a tonelada de cana por hectare (TCH) pela expressão: $TCH = (MP \times 10)/7$, onde 7 é a área ocupada pela parcela em m^2 e 10 é a constante usada para conversão da massa da parcela em toneladas por hectare.

2.2. Estratégias de seleção no T1

2.2.1. Seleção Massal

A seleção massal na fase T1 foi realizada por dois profissionais (Massal-1 e Massal-2) com mais de 25 anos de experiência no processo de seleção do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar. Nesse caso foi priorizada a seleção de genótipos com caracteres secundários correlacionados com a produtividade, como: AC, DC e NC.

2.2.2 Seleção via BLUP-seq

Os dados de tonelada de cana por hectare (TCH) foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, usando um modelo estatístico associado à avaliação de famílias de meio-irmãos, no delineamento de blocos incompletos (análise agrupada dos experimentos em DBC) com média da parcela, considerando o modelo estatístico descrito abaixo, conforme Resende (2002): $\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wb} + \mathbf{e}$, em que: $\mathbf{y}$ = vetor de dados; $(\mathbf{y} \sim \mathrm{N}(\mathbf{Xr}, \mathrm{V}))$; $\mathbf{r}$ é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral); $\mathbf{g}$ é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), onde: $\mathbf{g} \sim \mathrm{N}(0, \mathbf{G})$, $\mathbf{G}$ = matriz de covariância genética dos genótipos $(\mathbf{G} = \mathbf{I}\sigma_g^2)$; $\mathbf{b}$ é o vetor dos efeitos ambientais de blocos incompletos (assumidos como aleatórios), onde: $\mathbf{b} \sim \mathrm{N}(0, \mathbf{I}\sigma_b^2)$; $\mathbf{e}$ é o vetor de resíduos (aleatórios), onde: $\mathbf{e} \sim \mathrm{N}(0, \mathbf{R})$, $\mathbf{R}$ = matriz de covariância residual $(\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2)$. $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{W}$ são as matrizes de incidência para os efeitos a ela associados. Os componentes de variância σ_g^2, σ_b^2 e σ_e^2 correspondem, respectivamente, à variância genotípica, à variância de bloco e à variância residual.

Após o ordenamento das famílias, a seleção foi realiza seguindo a estratégia usada pelo programa de melhoramento da Austrália (Stringer et al., 2011), com a seleção de 40% das famílias avaliadas. As famílias selecionadas foram separadas em 4 grupos com base nas médias de TCH. O primeiro grupo foi composto pelas 12 melhores famílias, enquanto o segundo, terceiro e quarto grupo foram compostos por 13 famílias cada, sendo selecionados, 15, 10, 6 e 3 indivíduos em cada família dos respectivos grupos.

2.2.3. Seleção via BLUPIS

Pelo procedimento BLUPIS foram selecionadas as famílias que apresentaram médias de TCH superiores a média geral. O número de indivíduos indicados para seleção em cada família k (k = 1, 2, ..., j, ..., 128) foi calculado por $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j)n_j$, em que $\hat{g}_j$ refere-se ao valor genotípico da melhor família e n_j equivale ao número de indivíduos selecionados na melhor família (Resende e Barbosa, 2006). Nesse trabalho o n_j foi igual 9 indivíduos.

2.2.4. Seleção via número de colmos (Seleção via NC)

Para os dados de T1 foram selecionadas as famílias apenas com base na avaliação do número de colmos (NC), característica indicada como de maior importância na seleção de famílias (Sukhchain e Saini 1997; Silva et al., 2009; Espósito et al., 2012; Brasileiro et al., 2013). A partir da caracterização realizada em todas as plantas, foram ranqueadas as famílias com base no número de colmos, sendo selecionadas as famílias com maior número de indivíduos com pelo menos 6 colmos. Pedrozo et al. (2008) demonstram que, na fase T1 devem ser selecionadas as plantas com mais de 5 colmos, pois plantas com menos de 5 colmos em T1 também apresentam poucos colmos em T2.

Foram selecionadas as 51 melhores famílias (40%). As famílias foram separadas em 4 grupos com base no número de colmos. No primeiro grupo foram alocadas as 3 melhores famílias, no segundo grupo ficaram 6, no terceiro grupo 13 e no último grupo ficaram 29 famílias. A estratégia de formação desses 4 grupos, foi a maneira encontrada para selecionar 40% das famílias e manter a mesma percentagem de plantas selecionadas por família em cada grupo, conforme aplicado pelo BLUP-seq. Isso foi feito devido a necessidade de selecionar um menor número de plantas pela seleção via NC em consequência das limitações impostas pelo tamanho da área experimental disponível para a implantação da segunda fase de teste (T2).

2.3. Fase de Teste 2 – T2

2.3.1. Material vegetal

Os 659 clones avaliados na fase T2 foram obtidos a partir da seleção praticada nas 128 famílias de meio-irmãos, na fase T1. Os clones selecionados foram usados na instalação do T2 no CECA. O experimento foi instalado em julho de 2012 no delineamento em blocos aumentados (DBA) com duas cultivares testemunhas (RB867515 e SP80-1842) e 49 repetições. Cada uma das 770 parcelas foi constituída por um sulco de 4m de comprimento, espaçados em 1m. O DBA tem se mostrado eficiente nessa fase inicial do melhoramento da cana (Souza et al., 2006; Peternelli et al., 2009).

2.3.2. Avaliação Clonal

A avaliação fenotípica dos 659 clones selecionados nas 128 famílias foi realizada no estágio de cana planta, durante os meses de maio e junho de 2013. Os caracteres avaliados foram: número de colmos por parcela (NC), peso médio de colmo (MC), obtido com a pesagem de uma amostra de 10 colmos por parcela e o conteúdo de sacarose na cana em percentagem (PC), obtido a partir das análises tecnológicas realizadas em uma amostra de 500 gramas de cana moída por parcela (Fernandes, 2003).

A partir da pesagem e análise tecnológica de uma amostra de 10 colmos por parcela, foi possível estimar as médias dos clones referente a tonelada de cana por hectare (TCH): $TCH = [(NC \times MC) \times 10]/4$, em que NC é o número de colmos na parcela, MC é o peso médio de colmo obtido a partir da pesagem de uma amostra de 10 colmos, 4 é a área ocupada pela parcela em m^2 e 10 é a constante usada na conversão do peso da parcela em tonelada por hectare. A tonelada de sacarose por hectare (TPH) foi estimada pela fórmula: $TPH = (TCH \times PC)/100$, em que PC é o conteúdo de sacarose na cana em percentagem.

2.4. Estratégias de seleção no T2

2.4.1. Seleção Massal

A seleção massal nas fase T2 foi executada pelos mesmos profissionais que realizaram a seleção na fase T1 (Massal-1 e Massal-2).

2.4.2. Seleção via BLUP para TCH e TPH

Os dados de tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de sacarose por hectare (TPH) dos 659 clones foram analisados via modelos mistos REML/BLUP: $\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wb} + \mathbf{e}$, em que: $\mathbf{y}$ = vetor de dados $(\mathbf{y} \sim \mathrm{N}(\mathbf{Xr}, \mathrm{V}))$; $\mathbf{r}$ é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral); $\mathbf{g}$ é o vetor dos efeitos genotípicos, $\mathbf{g} \sim \mathrm{N}(0, \mathbf{G})$, $\mathbf{G}$ = matriz de covariância genética dos genótipos $(\mathbf{G} = \mathbf{I}\sigma_g^2)$; $\mathbf{b}$ é o vetor dos efeitos ambientais de blocos, onde: $\mathbf{b} \sim \mathrm{N}(0, \mathbf{I}\sigma_b^2)$; $\mathbf{e}$ é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), onde: $\mathbf{e} \sim \mathrm{N}(0, \mathbf{R})$, $\mathbf{R}$ = matriz de covariância residual $(\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2)$. $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{W}$ são as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os componentes de variância σ_g^2, σ_b^2 e σ_e^2 correspondem, respectivamente, à variância genotípica, à variância de bloco, e à variância residual.

Após o ordenamento dos clones foi realizada a seleção de 10% dos indivíduos com as maiores médias para TCH ou TPH.

2.5. Comparação das estratégias

Na comparação dos procedimentos de seleção foram calculados os percentuais de coincidência quanto ao número e à natureza das famílias e dos indivíduos identificados e selecionados pelas diferentes estratégias nas fases T1 e T2. Para cada estratégia foram também estimados o ganho de seleção predito em TCH com a seleção de famílias no T1 $(\mathrm{GS\ predito\ no\ T1} = (\mathrm{M}_{s_{T1}} - \mathrm{M}_{o_{T1}}) \times \mathrm{h}_{mf}^2)$, o ganho real em TCH obtido com a

seleção no T1 $(GS\,real = M_{s_{T2}} - M_{o_{T1}})$, e o ganho predito com a seleção dos 66 melhores clones para TCH e TPH $(GS\,predito\,no\,T2 = (M_{s_{T2}} - M_{o_{T2}}) \times h_g^2)$, em que $M_{s_{T1}}$ é a média das famílias selecionadas no T1, $M_{o_{T1}}$ é a média da população do T1, h_{mf}^2 é a herdabilidade média de família estimada no T1, $M_{s_{T2}}$ é a média dos clones selecionados no T2, $M_{o_{T2}}$ é a média da população do T2, e h_g^2 é a herdabilidade no sentido amplo estimada no T2.

As análises de modelos mistos REML/BLUP foram realizadas por meio do *software* SELEGEN (Resende, 2007).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Seleção no T1

Os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados pelo procedimento REML/BLUP na avaliação das 128 famílias de meio-irmãos são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais para tonelada de cana por hectare (TCH) em 128 famílias de meio-irmãos de cana-de-açúcar, série RB10, Oratórios-MG, Brasil, 2012.

Parâmetros*	Estimativa	Parâmetros	Estimativa
$\hat{\sigma}_g^2$	174,7649	Acurácia	0,9054
$\hat{\sigma}_e^2$	268,9424	$CV_g\%$	18,0065
$\hat{\sigma}_f^2$	466,0868	$CV_e\%$	22,3373
h_{mf}^2	0,8198	Média Geral	73,4173

* $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual entre parcelas; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; h_{mf}^2: herdabilidade para média de famílias; $CV_g\%$: Coeficiente de variação genética; $CV_e\%$: coeficiente de variação experimental.

O coeficiente de variação genética $(CV_g\% \cong 18)$ demonstra a existência de variabilidade genética nas famílias avaliadas para TCH. Valores acima de 10% tem indicado a presença de variabilidade genética com

possibilidade de seleção em cana-de-açúcar (Bastos et al., 2007; Oliveira et al., 2008).

A herdabilidade média de família no sentido amplo foi elevada $(h^2_{mf} = 0{,}8198)$, permitindo selecionar as melhores famílias com uma acurácia acima de 90% (Tabela 1), indicando uma alta correlação entre as médias genotípicas preditas e os valores verdadeiros (Resende, 2002).

No total, 659 indivíduos foram selecionados nas 128 famílias de meio-irmãos através das cinco estratégias de seleção avaliadas, isso equivale, a ~8% das plântulas levadas a campo. As médias genotípicas das 63 melhores famílias (TOP-63), classificadas a partir do procedimento REML/BLUP e o número de indivíduos selecionados em cada família a partir das cinco estratégias de seleção são apresentadas na Tabela 2.

O método BLUP-seq indicou a seleção das 51 melhores famílias, superando todos os procedimentos de seleção, com um diferencial de seleção de 10,98 toneladas de cana por hectare. Embora as estratégias BLUP-seq e BLUPIS tenham indicado praticamente, a seleção de um mesmo número de indivíduos, no BLUP-seq a seleção foi realizada nas 51 melhores famílias dentre as TOP-63. Além disso, enquanto na seleção via BLUPIS, 77 plantas foram selecionadas nas 10 melhores famílias, no BLUP-seq foram selecionados 148 indivíduos (Tabela 2), ou seja, no BLUP-seq mais indivíduos foram selecionados nas melhores famílias e um menor número de famílias foram amostradas.

Essa diferença entre as estratégias BLUP-seq e BLUPIS é um fator importante a depender do número de indivíduos por família presentes no experimento e da intensidade de seleção que será aplicada. Resende e Barbosa (2006) relatam que 50 indivíduos devem ser selecionados dentro da melhor família $(n_j = 50)$ para reter o melhor genótipo. Conforme apresentado por Resende (2002), 50 indivíduos representam 94% do tamanho efetivo máximo de uma família de meio-irmãos $(N_{ef(max)} = 4n_j/(n_j + 3) = 0{,}94)$.

Tabela 2 - Número de indivíduos selecionados pelos métodos Massal-1, Massal-2, BLUPIS, BLUP-seq e seleção via Número de Colmos (NC) nas 63 famílias de meio-irmãos (FMI) com os maiores valores genotípicos para a variável TCH (VG TCH) na série RB10, Oratórios-MG, Brasil, 2012.

Ordem*	FMI	VG TCH	Número de indivíduos selecionados por família (n_k)					Ordem	FMI	VG TCH	Número de indivíduos selecionados por família (n_k)				
			Massal-1	Massal-2	BLUPIS	BLUP-seq	NC				Massal-1	Massal-2	BLUPIS	BLUP-seq	NC
1	**RB01478**	110,46	5	4	9	15	10	33	**RB962794**	81,47	2	3	4	4	0
2	SP83-2847	98,92	3	3	8	15	6	34	RB01461	81,03	2	2	7	6	0
3	**RB963043**	98,39	4	3	8	14	6	35	RB972817	81,02	1	1	7	6	0
4	**RB997984**	92,84	0	0	8	15	0	36	RB988137	80,94	0	0	7	6	0
5	**RB961552**	91,68	7	2	8	15	7	37	RB943414	80,56	1	0	7	6	3
6	**RB961554**	91,56	2	2	7	15	0	38	RB961517	80,54	1	1	7	3	3
7	**RB017914**	91,48	1	0	7	15	3	39	RB988556	80,11	1	1	7	3	0
8	**SP79-3132**	89,85	2	2	8	15	0	40	**RB962560**	79,62	3	0	5	2	3
9	**RB982639**	89,27	3	2	7	15	15	41	RB946015	79,54	0	0	6	3	0
10	**RB051501**	89,22	2	0	7	15	11	42	RB998132	79,26	3	4	6	3	3
11	**RB961542**	89,13	2	0	7	15	10	43	**RB983149**	78,79	5	0	5	3	0
12	**RB987931**	88,12	4	3	7	15	10	44	**RB971747**	78,56	0	0	6	3	0
13	**RB975949**	87,55	3	3	8	10	1	45	RB962732	78,36	4	0	6	3	4
14	**RB01640**	86,83	1	1	8	10	0	46	**RB912525**	77,62	1	0	6	3	0
15	RB9629	86,73	1	0	7	10	6	47	RB975941	77,44	3	2	6	3	3
16	**RB988137**	86,17	0	0	6	9	2	48	**RB987933**	76,66	0	0	6	3	3
17	RB931511	85,60	0	0	7	10	10	49	CP69-1062	76,57	1	1	6	3	6
18	SP87-365	85,26	4	2	7	10	3	50	UFV031	76,20	1	0	6	3	0
19	**RB027058**	84,92	5	1	7	9	3	51	RB943352	75,90	2	2	6	3	0
20	**RB935744**	84,86	1	0	7	9	6	52	**RB96502**	75,65	1	0	5	0	3
21	RB969532	84,50	2	1	7	10	7	53	RB965581	75,53	2	1	6	0	3
22	**RB972604**	83,94	3	2	7	11	0	54	SP79-2233	75,39	1	1	6	0	0
23	RB99395	83,68	1	0	7	10	0	55	**RB01623**	75,34	1	0	6	0	0
24	**RB961538**	83,68	0	0	7	10	3	56	RB992529	75,03	2	0	5	0	5
25	RB972655	83,59	4	2	7	10	15	57	**LAICA94-813**	74,98	0	0	5	0	0
26	**RB963193**	83,13	1	2	7	6	0	58	RB021722	74,60	2	3	6	0	3
27	RB988090	83,07	0	0	6	5	5	59	**IAC86-3034**	74,08	2	2	5	0	0
28	CO419	83,01	5	4	6	7	7	60	**SP80-3250**	74,05	4	2	2	0	0
29	RB992538	81,83	2	2	7	6	15	61	**RB896387**	74,00	2	1	5	0	2
30	RB988079	81,70	1	0	6	6	1	62	UFV02180	73,97	1	1	6	0	0
31	**RB931611**	81,60	1	1	6	5	5	63	RB936109	73,95	2	0	6	0	6
32	RB83160	81,51	1	0	7	6	10		**Total**		**122**	**70**	**407**	**417**	**227**

* Ordem de classificação das 63 melhores famílias selecionadas pelo BLUPIS no T1. Em negrito as famílias com clones selecionados no T2.

Considerando que a percentagem de seleção aplicada na população via BLUP-seq e BLUPIS foi a mesma (~5%), devido a diferenças na quantidade de famílias selecionadas nas duas estratégias, enquanto a seleção via BLUP-seq indicou 15 indivíduos a serem selecionados na melhor família $(N_{ef(max)} = 0{,}825)$, no BLUPIS apenas 9 indivíduos foram selecionados $(N_{ef(max)} = 0{,}75)$ (Tabela 2), diminuindo a probabilidade de reter os melhores indivíduos das famílias amostradas.

Embora o BLUP-seq permita selecionar mais indivíduos nas melhores famílias, corre-se o risco de eliminar famílias de efeitos genéticos positivos que podem contribuir com clones promissores, o que de fato ocorreu no T2, onde em 6 das 12 famílias de efeitos genéticos positivos descartadas pelo BLUP-seq, foram selecionados 7 dos 66 clones de maior potencial produtivo na fase T2.

O procedimento BLUPIS retém todas as famílias com efeitos genéticos positivos. Porém, para que um n_j próximo de 50 seja aplicado, é fundamental a avaliação de um número de indivíduos por família maior do que vem sendo praticado usualmente. No entanto, não há benefício em usar famílias muito grandes. De acordo com Simmonds (1996) 200 indivíduos por família seriam suficientes para selecionar os melhores genótipos.

Nos métodos Massal-1 e Massal-2 foram selecionados, respectivamente, 30 e 17% das plantas indicadas pelo BLUPIS, sendo que 69% dos indivíduos selecionados pelos métodos visuais pertencem as 63 melhores famílias (TOP-63). Na seleção Massal-2 foram selecionadas 23 famílias fora do TOP-63 e na seleção Massal-1 foram selecionadas 34 famílias de médias inferiores, ou seja, 40% das famílias selecionadas de forma visual apresentaram efeitos genéticos negativos (Tabela 3).

Na comparação entre a seleção via NC e os procedimentos baseados em modelos mistos, deve ser considerado o fato das percentagens de seleção terem sido diferentes. Nas estratégias BLUP-seq e BLUPIS, respectivamente, 4,96 e 4,84% dos indivíduos foram selecionados. Na seleção via NC, a seleção foi de aproximadamente 3,3% dos indivíduos $(n_i = 278)$, ou seja, mesmo com a seleção de 30% menos indivíduos em relação ao BLUPIS, 82% das plantas

selecionadas via NC $(n_i = 227)$ pertencem às famílias TOP-63 e equivalem a 56% das plantas indicadas pelo BLUPIS (Tabela 3).

Tabela 3 - Número total de indivíduos (n_i) e famílias (n_f) selecionadas em todo o experimento (T1) e apenas nas 63 melhores famílias (TOP-63) pelos cinco procedimentos de seleção.

Seleção	T1		TOP-63		Coincidência com BLUPIS (%)	
	n_i	n_f	n_i	n_f	n_i [a]	n_f [b]
Massal-1	174	86	122	52	30	83
Massal-2	101	58	70	35	17	56
BLUPIS	407	63	407	63	-	-
BLUP-seq	417	51	417	51	75	81
Seleção via NC	278	51	227	38	56	60

[a]Coincidência de indivíduos selecionados com o BLUPIS, [b]Coincidência de famílias selecionadas com o BLUPIS.

A seleção via NC também foi capaz de selecionar, 46 e 40% das plantas indicadas pelos métodos Massal-1 e Massal-2, respectivamente. Dentre as 51 famílias selecionadas via NC, apenas 13 apresentaram médias de TCH inferiores a média geral.

As estratégias de seleção que apresentaram os maiores ganhos reais foram, em ordem decrescente, BLUP-seq, BLUPIS, Massal-1, Massal-2 e a seleção via NC, contrariando as previsões no ordenamento das estratégias, conforme os ganhos de seleção preditos no T1 (Tabela 4).

Tabela 4 - Ganho de seleção predito (GS Predito) e ganho de seleção realizado (GS Real) para TCH em cada estratégia de seleção aplicada no T1, além do GS Predito para TCH e TPH a partir das estratégias de seleção aplicada no T2.

Estratégias	Seleção em T1		Seleção em T2	
	GS Predito	GS Real	GS Predito (TPH)	GS Predito (TCH)
Massal-1	1,74	82,84	0,42	5,35
Massal-2	2,71	81,75	0,59	6,37
Seleção via NC	5,41	80,93	-	-
BLUPIS	7,60	84,81	-	-
BLUP*-seq	9,00	85,76	2,32	22,60

*Análise usada no ordenamento das famílias e dos clones para TCH e TPH na fase T2.

3.2. Seleção no T2

Os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados na avaliação dos 659 clones do T2 são apresentados na Tabela 5.

Tabela 5 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais para tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de cana por hectare (TCH), em 659 clones (T2), série RB10, Oratórios-MG, Brasil, 2013.

Parâmetros*	TPH	TCH
$\hat{\sigma}_g^2$	12,7317	766,1730
$\hat{\sigma}_e^2$	11,4579	446,4230
$\hat{\sigma}_f^2$	25,1603	1350,1908
h_g^2	0,5060 ± 0,0729	0,5674 ± 0,0766
Acurácia	0,7113	0,7532
Média	19,7719	156,6732

* $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual entre parcelas; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; h_g^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (efeitos genotípicos totais).

A herdabilidade no sentido amplo para TPH foi menor que para TCH. Entretanto, os dois caracteres apresentaram acurácias de seleção acima de 70% (Tabela 5), indicando a possibilidade de ganhos genéticos (Resende, 2002).

As quatro estratégias de seleção aplicadas no T2 selecionaram 184 clones. havendo seleções coincidentes entre as estratégias. Desses clones, 113 foram selecionados pelo Massal-1, 35 pelo Massal-2, 66 clones foram selecionados via BLUP para TCH e 66 via BLUP para TPH (Tabela 6).

Pelo método Massal-1, somente 34 dos 174 clones selecionados em T1, também foram selecionados no T2. Isso significa que mais de 70% dos clones selecionados pelo Massal-1 no T2 haviam sido descartados pelo método durante a seleção no T1. Dos 113 clones selecionados pelo Massal-1 no T2, 69% foram selecionados no T1 pelo BLUPIS e 72% pelo BLUP-seq.

No Massal-2, foram selecionados 35 clones em 25 famílias, sendo que desses, somente 5 clones também foram selecionados por essa estratégia no T1, ou seja, 95% dos clones selecionados pelo Massal-2 no T1, foram

descartados no T2, e mais de 85% dos clones selecionados no T2 haviam sido descartados no T1. Desses 35 clones selecionados pelo Massal-2, somente 3 não foram selecionados no T1 pelo BLUPIS e/ou BLUP-seq (Tabela 6).

Tabela 6 - Número de indivíduos (n_i) e famílias (n_f) selecionadas por quatro estratégias aplicadas na fase T2 nos 659 clones (T2) e os clones selecionados e descendentes das melhores famílias do T1 (TOP-63).

Seleção	T2		TOP-63		Coincidência com BLUP-TCH (%)	
	n_i	n_f	n_i	n_f	n_i [a]	n_f [b]
Massal-1	113	58	102	48	19	67
Massal-2	35	25	32	22	20	68
BLUP-TCH	66	37	59	32	-	-
BLUP-TPH	66	40	56	32	62	100

[a]Coincidência de indivíduos selecionados para TCH, [b]Coincidência com as famílias selecionadas para TCH.

A seleção Massal-1 aplicada no T1 contribuiu com 13 dos 66 melhores clones avaliados no T2 e o Massal-2 contribuiu com apenas 4 clones. As estratégias de seleção visual (Massal-1 e Massal-2) não apresentaram eficiência em selecionar os melhores genótipos no T1 e T2, conforme pode ser verificado nos resultados apresentados. Essa ineficiência é decorrente da alta intensidade de seleção aplicada na fase T1 pelos métodos massal e da forte influência dos fatores ambientais sobre a decisão dos técnicos, que acabam sendo guiados pelo fenótipo, e não fazem uso das informações de família (Barbosa et al., 2005; Oliveira et al., 2008).

Existe uma dificuldade evidente dos responsáveis pela realização da seleção massal em identificar os clones com maior potencial produtivo. Ao analisar o mapa de campo e a localização de cada planta selecionada na fase T1 por cada uma das estratégias de seleção visual (Massal-1 ou Massal-2) é possível verificar que 44% dos clones selecionados estavam nas extremidades da parcela ou sofrendo menor competição por conta da morte de uma das plantas vizinhas (Anexos). Esses resultados demonstram que os clones com

fenótipos favorecidos por fatores ambientais identificáveis apresentam maior chance de serem selecionados visualmente.

O BLUPIS contribuiu com 42 e o BLUP-seq com 56 dos 66 clones de maiores médias para TCH avaliados na fase T2 (10% melhores). Com a seleção dos melhores clones para TCH ou TPH, 90 genótipos foram avançados para a fase T3. Dos 90 genótipos, somente 7 não haviam sido selecionados pelo BLUP-seq e/ou BLUPIS no T1. Ou seja, apenas 11% dos 66 melhores clones para TCH não descendem das 63 melhores famílias avaliadas no T1 e para TPH apenas 15% dos clones não vieram das melhores famílias (Tabela 6).

A seleção via NC contribuiu com 20 dos 66 melhores clones para TCH e com 10 dos 66 melhores para TPH. A menor contribuição da seleção via NC quando comparado com o BLUP-seq e o BLUPIS, com clones de médias elevadas para TCH, pode ser consequência da seleção baseada apenas no NC. Esse tipo de estratégia pode levar a seleção de clones com diâmetro e altura abaixo da média e consequentemente, com menor potencial produtivo.

De acordo com Simmonds (1996), 10% das melhores famílias concentram, aproximadamente, 60% dos melhores genótipos e pouco se ganha ao selecionar mais de 20% das famílias. De fato, dos 66 clones selecionados no T2 com base nas médias de TCH, 67% pertencem a 19 (15%) das 26 (20%) melhores famílias avaliadas no T1. De 9 a 15 clones foram amostrados nessas famílias via BLUP-seq, ou seja, as 26 melhores famílias foram as mais bem amostradas (Tabela 2) e apenas 7 dessas famílias não tiverem genótipos selecionados no T2 (Tabela 2).

Durante o T2, os métodos visuais selecionaram 21 (Massal-1) e 7 clones (Massal-2) dos 66 melhores para TCH. As famílias (FMI) que mais contribuíram com clones para a fase T3 foram: RB961542, RB997984, RB961554, RB01478, RB971747 e RB961552, totalizando 24 clones (Tabela 7).

As médias de famílias para TCH na fase T2 foram muito superiores às médias no T1 (Tabelas 2 e 7). Consequentemente, uma grande diferença pode ser observada entre os ganhos de seleção preditos e os ganhos de seleção realizados após a aplicação das diferentes estratégias de seleção (Tabela 4). Essa diferença ocorreu devido ao sistema de plantio realizado nas fases T1 e T2.

No T1 as parcelas dos experimentos são implantadas a partir dos seedlings (propagação seminal) com um espaçamento de 0,5m entre plantas. Enquanto no T2 as parcelas foram implantadas a partir de 4 colmos (propagação vegetativa), permitindo maior perfilhamento, devido a maior quantidade de gemas por metro linear, acarretando, consequentemente, em maior produtividade por hectare.

Tabela 7 - Valor genotípico dos caracteres tonelada de cana por hectare (VG TCH) e tonelada de sacarose por hectare (VG TPH) nas 32 famílias (FMI) com os 66 clones de maior média para TCH, além do número de indivíduos selecionados nessas famílias por cada estratégia aplicada em T2.

FMI	VG TPH	VG TCH	Estratégias de seleção em T2			
			Massal-1	Massal-2	BLUP-TPH	BLUP-TCH
RB017914 × ? [a]	23,15	212,63	1	1	0	2
RB963193 × ? [a]	27,02	210,62	0	0	1	1
SP80-3250 × ? [b]	24,58	210,41	0	0	1	1
RB961538 × ? [a]	21,59	209,56	0	0	1	2
RB962794 × ? [a]	23,89	209,41	0	0	1	1
RB971744 × ? [c]	24,54	209,37	0	0	0	1
RB935744 × ? [a]	26,01	207,31	0	0	0	2
IAC86-3034 × ? [b]	24,94	204,45	0	0	1	1
RB963043 × ? [a]	25,64	203,92	0	1	2	2
RB931611 × ? [a]	24,77	200,88	0	0	0	2
RB027058 × ? [a]	20,49	200,73	1	0	1	1
RB997984 × ? [a]	24,72	200,64	2	0	2	4
LAICA94-813 × ? [b]	24,36	199,86	0	0	1	1
RB962560 × ? [a]	23,81	198,91	0	0	1	1
RB982639 × ? [a]	25,37	198,91	1	0	1	2
RB941009 × ? [c]	22,54	197,64	0	0	1	1
SP79-3132 × ? [a]	20,78	196,35	0	0	0	1
RB983149 × ? [a]	24,72	196,28	1	0	1	1
RB896387 × ? [b]	24,11	195,50	0	1	0	1
RB987933 × ? [a]	22,73	195,31	0	0	0	1
RB961554 × ? [a]	22,86	194,64	1	0	3	4
RB011519 × ? [c]	22,79	192,60	0	0	1	2
RB992538 × ? [c]	23,33	191,84	0	0	1	1
RB988137 × ? [a]	22,13	191,57	0	0	0	1
RB051501 × ? [a]	24,12	191,05	2	2	1	2
RB912525 × ? [a]	23,59	190,48	0	0	1	1
RB961542 × ? [a]	23,51	189,98	3	1	5	6
RB987931 × ? [a]	21,90	189,66	0	0	2	2
RB01623 × ? [b]	24,33	189,56	1	0	2	2
RB972604 × ? [a]	22,66	188,85	1	0	1	1
RB975949 × ? [a]	25,44	187,73	0	0	1	1
RB01640 × ? [a]	24,28	187,49	0	0	0	2
RB01478 × ? [a]	25,21	187,21	2	0	4	4
RB96502 × ? [b]	13,81	186,89	1	0	0	1
RB971747 × ? [a]	24,44	186,76	1	1	3	3
RB961552 × ? [a]	23,22	186,74	3	0	0	3
RB979539 × ? [c]	23,35	186,23	0	0	1	1
Média Geral	23,53	196,70				
Número de clones selecionados			21	7	41	66

[a]Famílias selecionadas pelo BLUP-seq e BLUPIS no T1; [b]Famílias selecionadas pelo BLUPIS e não selecionadas pelo BLUP-seq no T1; [c]Famílias não selecionadas pelo BLUP-seq e BLUPIS no T1.

As estratégias de seleção que apresentaram os maiores ganhos preditos para TCH e TPH do T2 para o T3 foram, em ordem decrescente, o BLUP (BLUP-TCH e BLUP-TPH), Massal-2 e Massal-1 (Tabela 4).

Oliveira et al. (2011), ao comparar a seleção massal com o BLUPIS, verificaram a superioridade do BLUPIS em identificar as famílias de cana-de-açúcar com maior quantidade de genótipos promissores. Segundo Resende e Barbosa (2006) a seleção via BLUP individual simulado apresenta alta correlação com os verdadeiros valores estimados via BLUP individual, podendo ser praticada quando os indivíduos são conduzidos para testes clonais via propagação vegetativa.

Tanto o BLUP-seq quanto o BLUPIS são estratégias promissoras e que devem ser adotadas visando otimizar o processo de seleção na fase T1. Fica a critério do melhorista, definir a percentagem de famílias a serem selecionadas. Porém, deve-se buscar selecionar um maior número possível de indivíduos dentro das melhores famílias, de forma a permitir que elas estejam bem representadas durante a fase T2. Conforme Resende (2002), entre 10 e 25 indivíduos por família é suficiente para representá-la adequadamente e os acréscimos em representatividade com n > 25 são muito lentos.

4. CONCLUSÃO

Dentre as estratégias aplicadas na fase T1, a seleção via BLUP-seq foi a que mais contribuiu com clones de maiores médias para TCH e TPH no T2, seguido do BLUPIS, seleção via NC, Massal-1 e Massal-2.

Os métodos visuais acarretam em maior pressão de seleção, diminuindo as chances de selecionar os melhores genótipos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PERTERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

BERNARDES, D. P. **Seleção de famílias de cana-de-açúcar via árvores de decisão**. 2013. 29f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2013.

BRASILEIRO, B. P.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Consistency of the results of path analysis among sugarcane experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.13, p.113-119, 2013.

BRESSIANI, J. A.; VENCOVSKY, R.; BURNQUIST, W. L. Modified family selection in sugarcane. **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists**, v.25, p.459–467, 2005.

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

ENDRES, L., SILVA, J. V., FERREIRA, V. M., BARBOSA, G. V. S. Photosynthesis and Water Relations in Brazilian Sugarcane. **The Open Agriculture Journal**, v.4, p.31-37, 2010.

ESPÓSITO, D. P.; PETERNELLI, L. A.; PAULA, T. O. M.; BARBOSA, M. H. P. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v.42, p.38-44, 2012.

FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Piracicaba: STAB, 2003. 240p.

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

OLIVEIRA, RA.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, JC.; ZAMBON, JLC.; IDO, OT.; WEBER, H.; RESENDE, MDV.; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. ***Scientia Agraria***, Curitiba, v.9, p.269-274, 2008.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; SOUZA, T. R.; LUCIUS, A. S. F. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v.70, p.796-800, 2011.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; COSTA, P. M. A.; SILVA, F. L. (2008) Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. **Revista Ceres**, v.55, p.1-8, 2008.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M.; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v.39, p.2425-2430, 2009.

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

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos.** Colombo: Embrapa Florestas. 2007.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.421-429, 2006.

SILVA, F. L.; PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; COSTA, P. M. A.; VIEIRA, M. S. Análise de trilha para os

componentes de produção de cana-de-açúcar via blup. **Revista Ceres**, v.56, p.308-314, 2009.

SILVA, P. P.; SOARES, L.; D. A.; COSTA, J. G.; SILVA, V. L.; ANDRADE, J. C. F.; GONÇALVES, E. R.; SANTOS, J. M.; SOUZA, B. G. V.; NASCIMENTO, V. X.; TODARO, A. R.; RIFFEL, A.; GROSSI-DE-SA, M. F.; BARBOSA, M. H. P.; SANT'ANA, A. E. G.; NETO, C. E. R. Path analysis for selection of drought tolerant sugarcane genotypes through physiological components. **Industrial Crops and Products**, v.37, p.11-19, 2012.

SIMMONDS, N. W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, v.90, p.201-208, 1996.

SOUZA, E. F. M.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Designs and model effects definitions in the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.3, p.369-375, 2006.

STRINGER, J. K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X.; HOGARTH, D. M. Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. **Sugar Tech**, v.13, p.36–41, 2011.

SUKHCHAIN, S. D.; SAINI, G. S. Inter-relationships among cane yield and commercial cane sugar and their component traits in autumn plant crop of sugarcane. **Euphytica**, v.95, p.109-114, 1997.

WACLAWOVSKY, A. J.; SATO, P. M.; LEMBKE, C. G.; MOORE, P. H.; SOUZA, G. M. Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. **Plant Biotechnology Journal**, v.8, p.263-276, 2010.

CAPÍTULO 2

IMPORTÂNCIA DOS CARACTERES AGRONÔMICOS NO PROCESSO DE SELEÇÃO INDIVIDUAL EM CANA-DE-AÇÚCAR

VIÇOSA

MINAS GERAIS- BRASIL

2013

RESUMO

O objetivo desse trabalho foi avaliar a importância dos caracteres agronômicos durante o processo de seleção massal em cana-de-açúcar, além de avaliar o potencial do uso da regressão logística e da árvore de decisão na identificação dos melhores genótipos. Foram avaliados 7.719 seedlings na primeira fase de teste (T1) e 659 clones na segunda fase de teste (T2). Os caracteres número de colmos, saliência da gema e comprimento do entre-nó foram os de maior importância no processo de seleção massal realizado no T1. Vigor da planta, diâmetro de colmo e altura de colmo foram os mais importantes na seleção do T2. Pelo método massal foram selecionados 174 indivíduos no T1 e 113 no T2, enquanto a regressão logística selecionou 153 indivíduos no T1 e 79 no T2. A taxa de erro aparente dos modelos logísticos ajustados para as seleções no T1 e T2 foram de 0,8 e 5,10%, respectivamente. Com o uso da árvore de decisão foram selecionados 67 clones dentre os mais produtivos na fase T2. A elaboração de árvores de decisão apresenta grande aplicabilidade na identificação de clones potenciais nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., regressão logística, árvore de decisão, melhoramento genético

ABSTRACT

The aim of this study was to evaluate the importance of the agronomic characters during the process of individual selection in sugarcane, besides evaluating the potential of the aplication of logistic regression and the decision tree in identifying the best genotypes. It was evaluated 7.719 seedlings in the first phase of the test (T1) and 659 clones in the second phase of the test (T2). The characters: stalks number, bud salience and the internode length were the ones with the biggest importance in the process of individual selection done in T1. Plant vigor, stalks diameter and height were the most important ones in the selection of T2. Through the visual method, it was selected 174 individuals in T1 and 113 in T2, whereas the logistic regression selected 153 individuals in T1 and 79 in T2. The apparent error rate of the logistic models adapted for the selection in T1 and T2 were 0,8 and 5,10%, respectively. With the use of the decision tree, it was selected 67 clones among the most productive in T2. The elaboration of decision trees presents a great potential in identifying the potential clones in the initial phases of the sugarcane genetic improvement.

Keywords: *Saccharum* spp., logistic regression, decision trees, crop breeding.

1. INTRODUÇÃO

Por meio do processo de propagação vegetativa, os genótipos selecionados nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar são conduzidos aos grandes e caros experimentos de avaliação (fase experimental - FE), em diferentes locais e anos sucessivos.

Como nas fases iniciais os genótipos não são avaliados com repetição e estão em um único ambiente, a seleção é visual (massal), ou seja, baseada nos fenotípicos dos indivíduos. Os critérios de seleção adotados pelos melhoristas durante a seleção massal estão associados com os caracteres componentes da produção, como número de colmos, diâmetro e altura de colmos (Oliveira et al., 2008; Zhou et al., 2011).

Embora a seleção massal seja aplicada rotineiramente nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, esse tipo de estratégia tem sofrido críticas devido a sua ineficiência em razão da falta de repetição e da interação genótipo x ambiente (Kimbeng e Cox 2003; Barbosa et al., 2005; Stringer et al., 2011).

Uma alternativa a seleção massal tem sido a adoção da seleção das melhores famílias, conforme recomendado por Simmonds (1996), Kimbeng e Cox, 2003, Bressiani et al. (2005), Resende e Barbosa (2006) e Stringer et al. (2011), seguido da seleção visual dos melhores genótipos presentes nas melhores famílias. Na seleção visual o descarte, ou não, de um indivíduo depende da combinação e magnitude dos componentes de produção (Zhou et al., 2011). Porém, diversos fatores como a incidência de doenças, saliência da gema e chochamento fisiológico contribuem para a tomada de decisão do melhorista.

A decisão de selecionar ou rejeitar um determinado genótipo é uma resposta de natureza binária. Nesse caso a análise de regressão logística pode ser aplicada para avaliar o efeito ou poder de discriminação de cada um dos caracteres agronômicos usados como critérios de seleção, além de calcular probabilidades que podem ser usadas na predição dos indivíduos a serem selecionados (Agresti, 2007).

Outra ferramenta interessante que pode ser adotada na seleção clonal é o uso de árvores de decisão. As árvores de decisão constituem uma técnica poderosa e amplamente utilizada em problemas de classificação (Breiman et al., 1984).

O objetivo desse trabalho foi avaliar a importância dos caracteres agronômicos durante o processo de seleção massal em cana-de-açúcar, além de avaliar o potencial do uso da regressão logística e da árvore de decisão na identificação dos melhores genótipos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Fase de teste 1 - T1

As 128 famílias de meio-irmãos utilizadas nesta pesquisa foram produzidas a partir de cruzamentos realizados em 2010 na Estação Experimental da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, AL.

As plântulas, após aclimatação, foram enviadas para a instalação do experimento no Centro de Pesquisa e Melhoramento de Cana-de-Açúcar (CECA) pertencente a Universidade Federal de Viçosa, no município de Oratórios, MG, com latitude 20º25'S; longitude 42º48'W; altitude 494m; solo LVE.

As 128 famílias foram distribuídas em 7 experimentos, no delineamento em blocos casualisados com 6 repetições. Cada experimento foi constituído de 20 famílias, sendo que duas dessas famílias (RB011532 × ? e SP80-3250 × ?) estavam presentes em todos os experimentos, o que permitiu a realização da análise agrupada dos mesmos. As 840 parcelas avaliadas foram constituídas por 10 plantas, distribuídas em um sulco de 5m de comprimento, espaçados em 1,40m, totalizando 8.400 plantas.

2.2. Avaliação fenotípica no T1

Após o primeiro corte e já no estágio de cana soca, durante os meses de maio e junho de 2012, foram avaliadas 7.719 plantas sobreviventes nas 128

famílias de meio-irmãos presentes nos experimentos. Os caracteres avaliados por planta e utilizados como critérios de seleção foram: número de colmos (NC), diâmetro de colmos (DC), altura de colmos (AC), presença de rachadura (RC), saliência da gema (GE), comprimento do entre-nó (ET), arquitetura foliar (AF) e a presença de colmo tardio (CT).

Para todos os caracteres (exceto para RC e CT), foi atribuído o valor 1 (um) se a planta merecesse ser selecionada com base no carácter e 0 (zero) em caso contrário. Para RC e CT foi atribuído 1 para a presença de rachadura e colmo tardio, respectivamente, e 0 para a planta selecionada com base no carácter. Em especial, para NC foi atribuído 1 para as plantas que apresentaram pelo menos 6 colmos, conforme sugerido por Pedrozo et al. (2008).

2.3. Fase de teste 2 - T2

A partir da aplicação de diferentes estratégias de seleção nas 128 famílias de meio-irmãos avaliadas na fase T1, foi implantada, no CECA, a fase T2 com 659 clones, dos quais 174 foram selecionados no T1 a partir do método massal. O T2 foi instalado em julho de 2012 no delineamento em blocos aumentados (DBA) com duas cultivares como testemunhas (RB867515 e SP80-1842) e 49 repetições. Cada uma das 770 parcelas foi constituída por um sulco de 4m de comprimento, espaçados em 1m. O DBA tem se mostrado eficiente nessa fase inicial de experimentação com a cana-de-açúcar (Souza et al., 2006; Peternelli et al., 2009).

2.4. Avaliação fenotípica no T2

A avaliação fenotípica de 659 clones selecionados nas 128 famílias foi realizada no estágio de cana planta, durante os meses de maio e junho de 2013. Os caracteres avaliados e utilizados como critério de seleção foram: NC, DC, AC, GE, RC, ET, AF, conforme descrito anteriormente, além da presença de joçal (JO), presença de carvão (CV), florescimento (FL), chochamento fisiológico (CF), ocamento (OCA) e vigor da planta (VIG).

Para as características NC, DC, AC, GE, ET, AF, foi atribuído o valor 1 (um) se a planta merecesse ser selecionada com base em cada carácter e 0 (zero) em caso contrário. Para JO, RC, FL, CV, CF e OCA foi atribuído 1 para a presença de joçal, rachadura, florescimento, carvão, chochamento e ocamento e 0 para a ausência dessas características nas plantas. Para VIG foram atribuídos valores discretos de 1 até 5, sendo 1 = menor vigor e 5 = maior vigor.

Também foram avaliados o conteúdo de sacarose na cana em percentagem (PC) a partir da análise tecnológica de uma amostra de 500g de cana após a moagem de 10 colmos por parcela (Fernandes 2003). A tonelada de cana por hectare (TCH), foi obtida a partir do número de colmos e da pesagem de uma amostra de 10 colmos por parcela: $\mathrm{TCH} = [(\mathrm{NC} \times \mathrm{MC}) \times 10] / 4$, em que NC é o número de colmos na parcela, MC é a massa média de colmo obtida a partir da pesagem de uma amostra de 10 colmos; 4 é a área ocupada pela parcela em m^2. A tonelada de sacarose por hectare (TPH), foi estimada pela fórmula: $\mathrm{TPH} = (\mathrm{TCH} \times \mathrm{PC}) / 100$.

2.5. Seleção massal

A seleção massal foi realizada nas fases T1 e T2 por um técnico com 25 anos de experiência no processo de seleção visual do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar. Antes da tomada de decisão sobre os genótipos a serem selecionados foi realizada a avaliação individual de todos os genótipos presentes no experimento a partir dos critérios de seleção supracitados.

2.6. Regressão logística

O modelo de regressão logística constitui um tipo especial de modelo linear generalizado desenvolvido para o caso em que a variável resposta é categórica binária ou multinomial. Por meio do modelo logístico pode-se avaliar o impacto das variáveis explicativas sobre a variável resposta (Agresti, 2007). Portanto, a regressão logística foi aplicada visando determinar a importância

dos caracteres agronômicos no processo de seleção massal realizado nas fases T1 e T2.

Na predição do modelo, foi adotado o ponto de corte de 0,5, ou seja, foram selecionados os indivíduos $i\ (i = 1,2,3,...n)$ que apresentaram uma probabilidade de seleção acima de 0,5. A probabilidade de seleção foi estimada usando o seguinte modelo de regressão logística:

$\hat{p}_i = \exp(\sum_{j=0}^{k} \beta_j x_{ij}) / (1 + \exp(\sum_{j=0}^{k} \beta_j x_{ij}))$, onde: β_j = coeficientes de regressão; x_{ij} = valores das variáveis explicativas (critérios de seleção) j em cada indivíduo i; k = número de variáveis.

As taxas de erro aparente (Cruz, 2008) dos modelos de regressão foram calculadas com base no número de indivíduos classificados incorretamente pelo modelo logístico em relação ao número total de plantas avaliadas no experimento: $TEA = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^{g} m_j$, onde N = número total de observações, g = número de respostas (Selecionar ou Descartar), m_j = número de classificações incorretas em cada resposta.

As análises de regressão logística foram realizadas no software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2013).

2.7. Seleção no T2 via Árvore de Decisão

Para a seleção via árvore de decisão foi realizada uma pré-seleção de 10% dos indivíduos com as maiores médias genotípicas para TCH ou TPH. Em seguida foram usadas as informações da avaliação fenotípica desses clones para a implementação de uma árvore de decisão.

Os dados de tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de sacarose por hectare (TPH) dos 659 clones foram analisados via REML/BLUP usando o seguinte modelo: $\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wb} + \mathbf{e}$, em que: $\mathbf{y}$ = vetor de dados $(\mathbf{y} \sim N(\mathbf{Xr}, V))$; $\mathbf{r}$ é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral); $\mathbf{g}$ é o vetor dos efeitos genotípicos, $\mathbf{g} \sim N(0, \mathbf{G})$, $\mathbf{G}$ = matriz de covariância

genética dos genótipos $(\mathbf{G} = \mathbf{I}\sigma_g^2)$; $\mathbf{b}$ é o vetor dos efeitos ambientais de blocos, onde: $\mathbf{b} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_b^2)$; $\mathbf{e}$ é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), onde: $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{R})$, $\mathbf{R}$ = matriz de covariância residual $(\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2)$. $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{W}$ são as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os componentes de variância σ_g^2, σ_b^2 e σ_e^2 correspondem, respectivamente, à variância genotípica, à variância de bloco, e à variância residual.

As análises de modelos mistos REML/BLUP foram realizadas por meio do *software* SELEGEN (Resende, 2007).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todos os caracteres apresentaram efeitos significativos no modelo de regressão logístico ajustado para a seleção massal aplicada na fase T1 (Tabela 1). De acordo com os valores das razões de risco (*odds ratio*) NC, GE, ET, DC, AC, AF, CT e RC foram nessa ordem, os caracteres mais importantes no processo de seleção massal do T1 (Figura 1).

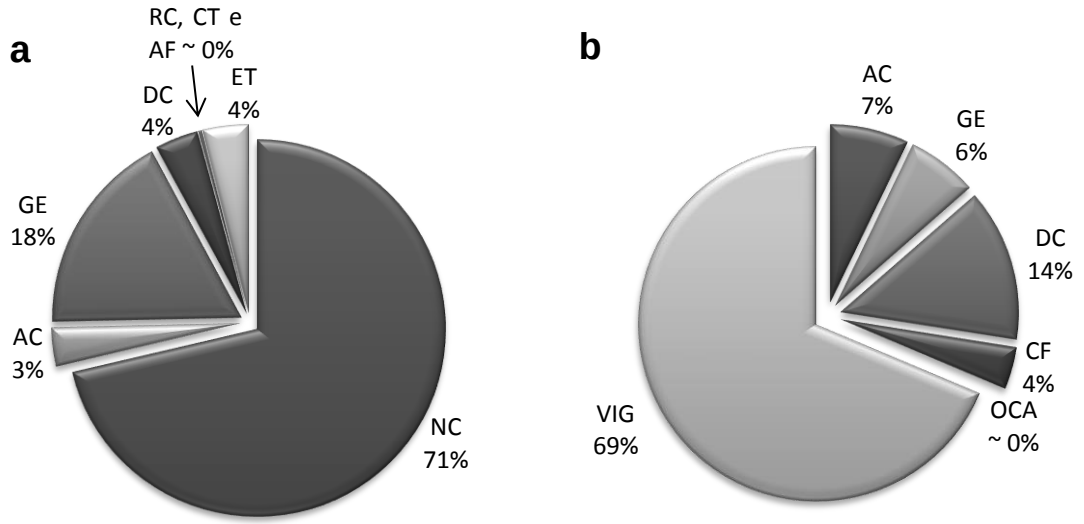


Figura 1 - Importância dos caracteres agronômicos no processo de seleção massal durante as fases T1 (a) e T2 (b) do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da UFV (PMGCA/UFV). NC = número de colmos, AC = Altura de colmos, DC = diâmetro de colmos, GE = saliência da gema, RC = presença de rachadura, CT = colmos tardios, AF = arquitetura foliar, ET = comprimento do entre-nó, CF = chochamento fisiológico, VIG = vigor da planta, OCA = presença de ocamento.

Tabela 1 - Coeficientes de regressão (β_i), desvio-padrão (DP), p-valor e odds ratio (OR) das variáveis explicativas (caracteres) usadas nos modelos logísticos ajustados para as seleções massal realizadas nas fases T1 e T2.

Caracteres	Parâmetros no T1				Parâmetros - modelo completo no T2				Parâmetros - modelo reduzido no T2			
	β_i	DP	p-valor[/b]	OR	β_i	DP	p-valor	OR	β_i	DP	p-valor	OR
CT[/a]	-0,90	0,31	0,01	0,41								
NC	7,42	1,03	0,00	1.665,03	0,99	0,76	0,19					
AC	4,35	0,45	0,00	77,12	1,62	0,62	0,01	5,04	1,60	0,60	0,01	4,97
GE	6,01	0,74	0,00	408,30	1,50	0,57	0,01	4,49	1,49	0,56	0,01	4,45
DC	4,45	0,42	0,00	85,95	2,25	0,65	0,00	9,44	2,27	0,63	0,00	9,67
RC	-2,62	0,41	0,00	0,07	-0,07	0,62	0,91					
ET	4,50	0,75	0,00	90,46	14,31	921,81	0,99					
AF	1,81	0,35	0,00	6,10	0,28	0,58	0,63					
FL					0,46	0,49	0,35					
JO					0,11	0,52	0,82					
CV					-13,53	4.604,47	1,00					
CF					0,98	0,43	0,02	2,67	0,97	0,42	0,02	2,65
OCA					-3,19	1,30	0,01	0,04	-3,12	1,29	0,02	0,04
VIG					3,70	0,54	0,00	40,58	3,86	0,53	0,00	47,69
Intercepto	-26,13	1,80	0,00		-29,70	921,81	0,97		-14,19	1,56	0,00	
AIC[/c]	400,5				214,54				205,32			

[/a]CT: presença de colmo tardio; NC: número de colmos; AC: Altura de colmo; GE: saliência da gema; DC: diâmetro de colmo; RC: rachadura; ET: comprimento do entre-nó; AF: arquitetura foliar; FL: florescimento; JO: presença de joçal; CV: incidência de carvão; CF: chochamento fisiológico; OCA: ocamento; VIG: vigor da planta; [/b]p-valor: valores de probabilidade associados à estatística z de Wald; [/c]AIC: critério de informação de Akaike.

Na fase T2, de acordo com os resultados obtidos, foi possível verificar a ausência de efeito significativo dos caracteres NC, RC, ET, AF, FL, JO e CV no modelo completo de regressão logística (Tabela 1). Um novo modelo foi ajustado (modelo reduzido) e de acordo com os valores das razões de risco os caracteres: VIG, DC, AC, GE, CF e OCA, nessa ordem, foram os mais importantes no processo de seleção massal realizado no T2 (Figura 1).

De acordo com os valores dos critérios de informação de Akaike (AIC), um melhor ajuste foi observado no modelo reduzido, pois menores valores de AIC refletem um melhor ajuste global (Akaike, 1974) (Tabela 1).

Na fase T1, conforme as razões de risco, uma planta com mais de 5 colmos tem 1.665 vezes mais chance de ser selecionada do que uma planta com até 5 colmos. Se a planta possuir uma gema pouco saliente, a chance de ser selecionada é 408 vezes maior do que uma planta de gema grande. Uma planta com entre-nó uniforme tem 90 vezes mais chance de ser selecionada em relação a plantas com entre-nó desuniforme. Se a planta apresentar DC considerado bom a chance de seleção será 85 vezes maior do que uma planta de DC fino. Finalmente, para AC a chance de uma planta ser selecionada ao possuir uma boa altura é 77 vezes maior do que uma planta de baixa estatura (Tabela 1).

De acordo com os resultados apresentados, fica evidente a maior importância do carácter NC no processo de seleção individual realizado no T1. De fato, no T1, a seleção dos melhores genótipos de cana-de-açúcar pode ser realizada com base no número de colmos, tendo em vista que o seu efeito direto sobre tonelada de cana por hectare é de alta magnitude (Espósito et al., 2012; Brasileiro et al., 2013). Pedrozo et al. (2008) observaram que plantas com menos de 6 colmos na fase T1 apresentam baixa produtividade na fase T2. Esses autores têm recomendado a seleção de plantas com mais de 5 colmos na fase inicial. Porém outros caracteres também devem ser levados em consideração no processo de seleção, como AC, DC, ET e GE, de modo a garantir que as plantas atendam as necessidades do setor produtivo.

Devido ao aumento da adoção do plantio mecanizado, o tamanho da gema axial passou a ter grande importância no processo de seleção de novos clones. Clones com gemas grandes acarretam em maior índice de quebra de toletes, dificultando o processo de plantio mecanizado e fazendo com que uma

maior quantidade de mudas seja necessária para a implantação da lavoura (Figura 2).

Na fase T2, a chance do indivíduo ser selecionado aumenta em 47 vezes a cada unidade a mais na escala de nota para o VIG. Uma planta com DC considerado grosso tem 9 vezes mais chance de ser selecionada do que uma planta de diâmetro fino. Uma planta considerada alta tem quase 5 vezes mais chance de ser selecionada do que uma planta de baixa estatura. As plantas com gema pequena apresentam quase 5 vezes mais chances de serem selecionadas do que as plantas de gema grande e as plantas que não apresentam CF possuem quase 3 vezes mais chances de serem selecionadas do que plantas com chochamento (Tabela 1).

Figura 2 - Imagens de uma gema pouco saliente (a), preferível no plantio mecanizado e de uma gema grande (b), característica indesejada nas novas cultivares.

A importância dos caracteres agronômicos sofreu influência das peculiaridades inerentes as fases T1 e T2. O NC, por exemplo, foi a variável de maior importância na seleção massal aplicada no T1 e não apresentou efeito significativo no modelo ajustado para a seleção praticada na fase T2 (Tabela 1). Isso se explica pelo fato da população da fase T2 apresentar menor variabilidade para o carácter número de colmos. A seleção de genótipos com elevado número de colmos na fase T1 colabora para a menor variabilidade para NC após o primeiro ciclo de seleção, conforme pode ser observado na Figura 3.

O fato dos genótipos no T2 serem representados em parcelas de 4 metros lineares também acaba gerando maior dificuldade para a classificação dos indivíduos quanto as suas capacidades de perfilhamento. Devido a essa dificuldade e a maior facilidade de classificação dos clones quanto ao DC, esse carácter ganhou maior importância e passou a ter mais influência na decisão do melhorista.

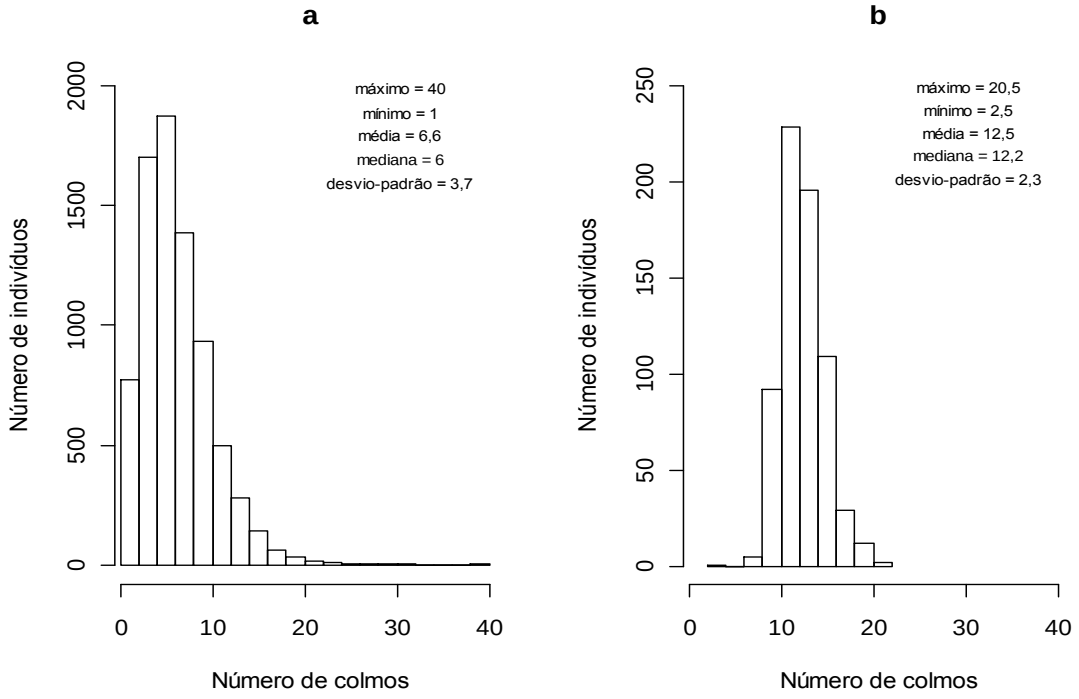


Figura 3 - Histogramas das distribuições do número de colmos por metro linear nos genótipos avaliados nas populações das fases T1 (a) e T2 (b) do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da UFV (PMGCA/UFV).

Por conta da dificuldade na identificação visual dos clones mais produtivos na fase T2, recomendamos a contagem do número de colmos e a pesagem de uma amostra de 10 a 20 colmos por parcela para obtenção da estimativa do TCH. Quando for possível realizar as análises tecnológicas, a seleção clonal também poderá ser direcionada para maior TPH.

O ordenamento dos clones com base na capacidade de produção facilita a identificação visual dos melhores genótipos. Com o ordenamento para TCH e/ou TPH é possível direcionar a seleção visual apenas para os clones mais produtivos. Além da produtividade é fundamental a avaliação de caracteres secundários como vigor da planta, chochamento fisiológico, saliência da gema, intensidade de florescimento e a incidência de determinadas doenças.

Utilizando esses critérios de seleção, o melhorista poderá identificar os melhores genótipos com mais eficiência e em menor tempo.

Por conta da dificuldade na categorização dos genótipos para NC, os caracteres DC e AC ganharam maior peso na decisão do melhorista e os caracteres que não foram usados como critérios de seleção na fase T1, como CF, OCA VIG apresentaram grande importância na seleção massal praticada na fase T2 (Tabela 1).

Os modelos de regressão logística ajustados para as fases iniciais de seleção foram eficientes na predição dos indivíduos a serem selecionados. No T1, 153 indivíduos apresentaram probabilidade de seleção acima de 0,5. O modelo para a seleção no T1 apresentou capacidade de acerto próxima de 100%. Ao considerar a capacidade preditiva da condição seleção, esse percentual foi de aproximadamente 87% (Tabela 2).

No T2, 79 indivíduos atingiram o limiar de seleção. A capacidade de acerto do modelo ajustado para a seleção massal no T2 foi de aproximadamente 95% e com uma capacidade preditiva da condição seleção de 100% (Tabela 2).

Tabela 2 - Classificações pelos modelos de regressão logística usando como resposta a seleção massal aplicada no T1 e no T2.

Seleção massal – T1	Modelo de regressão		Total	TEA*
	Selecionar (1)	Descartar (0)		
Selecionar (1)	133	41	174	
Descartar (0)	20	7.525	7.545	0,8%
Total	153	7.566	7.719	
Seleção massal – T2	**Modelo de regressão reduzido**		**Total**	**TEA***
	Selecionar (1)	Descartar (0)		
Selecionar (1)	79	34	113	
Descartar (0)	0	546	546	5,1%
Total	79	580	659	

*TEA = Taxa de erro aparente em percentagem.

Visando automatizar a decisão de selecionar ou rejeitar determinado genótipo, foi proposta uma árvore de decisão na seleção de genótipos de cana-de-açúcar na fase T2 dos programas de melhoramento genético. As regras para obtenção da árvore de decisão foram formuladas visando selecionar os

clones com maior potencial produtivo e com a menor quantidade possível de características indesejáveis. Nesse trabalho, a árvore de decisão foi obtida a partir dos caracteres que apresentaram maior importância no processo de seleção visual realizado na fase T2, juntamente com as informações genotípicas para os caracteres de produção TCH e TPH e a experiência do melhorista em identificar os melhores clones (Figura 4).

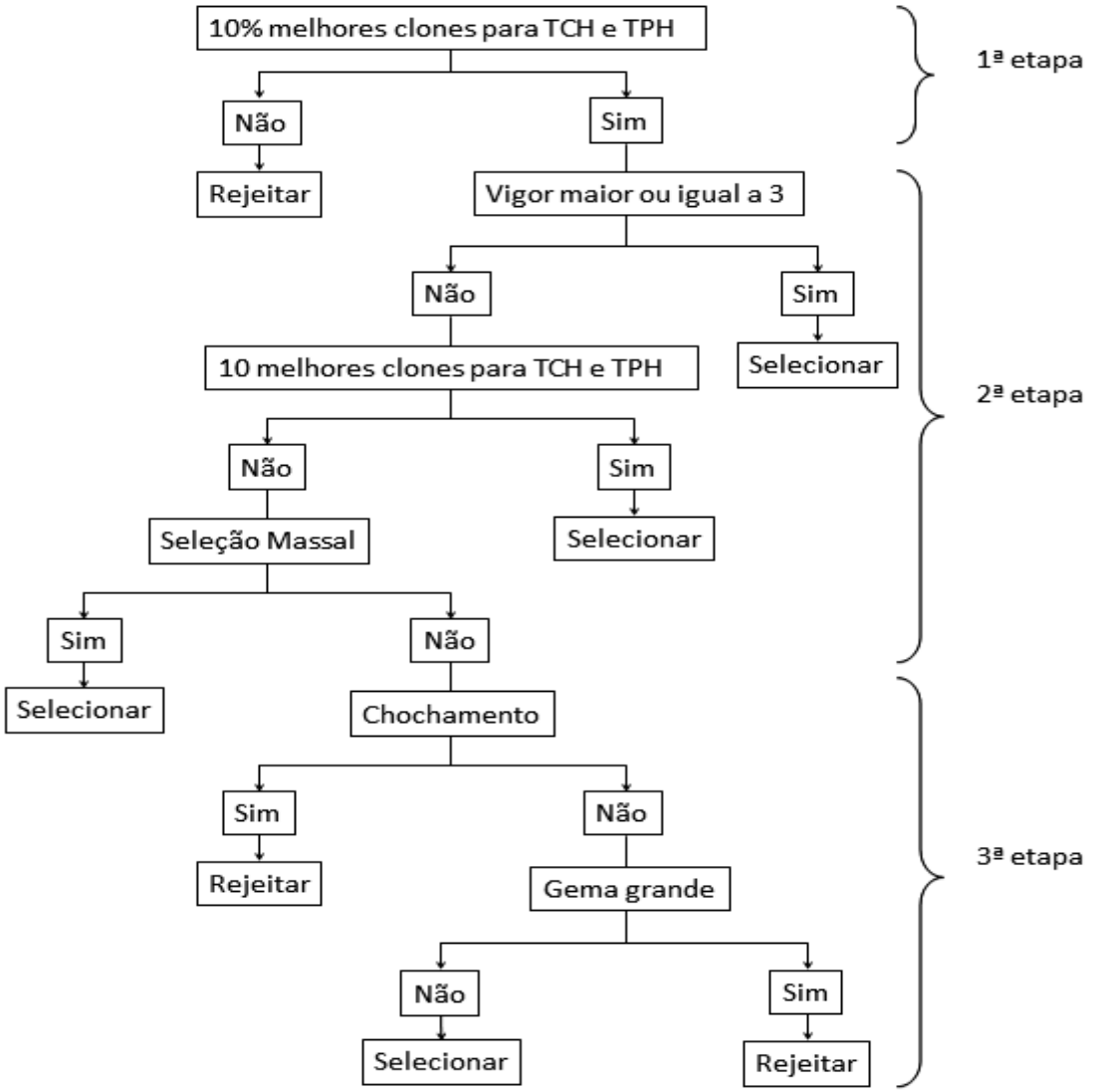


Figura 4 - Árvore de decisão na seleção de genótipos na fase T2 do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da UFV (PMGCA/UFV).

De acordo com as regras geradas (Figura 4) em uma primeira etapa são pré-selecionados os 10% melhores clones para TCH e TPH. Na segunda etapa todos os clones que estejam entre os 10 melhores para TCH e TPH, ou que

apresentarem um vigor (VIG) maior ou igual a 3 e os clones que foram considerados promissores pelo melhorista durante a seleção massal são avançados para a fase T3. A terceira etapa consiste em descartar os clones que apresentam chochamento fisiológico e gema inadequada para o cultivo mecanizado (Figura 4).

Os resultados da seleção aplicada nos 659 clones da fase T2 via árvore de decisão podem ser observados na Tabela 3. Com a pré-seleção dos 66 clones com as maiores médias para TCH e TPH, 90 clones foram pré-selecionados e a partir do processo de validação das regras, juntamente com a resposta gerada, 67 clones foram selecionados (Tabela 3).

Na seleção praticada pelo método massal, 113 clones foram avançados para a fase T3 e desses, somente 27 fazem parte dos 66 clones com as maiores médias para TCH e TPH (Tabela 3).

Por meio do método massal a maior parte dos genótipos selecionados apresentaram baixo potencial produtivo, consequentemente, menores ganhos genéticos são esperados com o uso dessa estratégia de seleção.

Com a árvore de decisão são descartados os genótipos com baixa produtividade e aqueles que apresentam características indesejáveis, permitindo que os mais produtivos e mais próximos do ideótipo almejado, sejam avançados para a terceira fase de teste (T3). Portanto, essa ferramenta deve ser incorporada nos processos de seleção em cana-de-açúcar e em outras espécies de propagação vegetativa.

As regras a serem usadas na construção da árvore de decisão podem sofrer alterações a depender das condições climáticas de cada ano agrícola, da incidência de determinada doença nos locais de condução dos experimentos e também dos objetivos e critérios considerados mais importantes por cada programa de melhoramento genético.

A aplicação da árvore de decisão na seleção de cana-de-açúcar pode ser automatizada no campo. Consequentemente, a tomada de decisão poderá ser realizada de forma mais rápida e eficiente, direcionando a avaliação de caracteres secundários apenas para os genótipos com maior potencial produtivo.

Tabela 3 - Clones com as maiores médias para TCH e TPH, classes (SIM ou NÃO) para os caracteres agronômicos usados na seleção via árvore de decisão, ordem dos clones (1 a 66) para TCH e TPH e o resultado (1 = seleção e 0 = rejeição) da seleção massal (SM) e via Árvore de Decisão (AD).

CLONE	GE*	CF	VIG	SM	TCH	TPH	AD	CLONE	GE	CF	VIG	SM	TCH	TPH	AD
UFV10590	NÃO	NÃO	3	1	1	61	1	UFV10392	SIM	NÃO	2	0	45	32	0
UFV10334	NÃO	NÃO	1	0	2	2	1	UFV10573	NÃO	NÃO	2	0	46	147	1
UFV10438	SIM	NÃO	1	0	3	70	1	UFV10113	SIM	SIM	1	0	47	15	0
UFV10621	SIM	NÃO	1	0	4	8	1	UFV10546	NÃO	SIM	2	1	48	200	1
UFV10620	NÃO	NÃO	4	1	5	1	1	UFV10285	NÃO	SIM	2	0	49	203	0
UFV10543	SIM	SIM	1	0	6	22	1	UFV10402	SIM	NÃO	1	0	50	28	0
UFV10157	NÃO	SIM	1	0	7	59	1	UFV10111	NÃO	NÃO	3	1	51	124	1
UFV10422	SIM	NÃO	2	0	8	168	1	UFV10902	NÃO	NÃO	3	1	53	46	1
UFV10147	NÃO	NÃO	1	0	9	41	1	UFV10530	SIM	SIM	1	0	54	10	1
UFV10735	NÃO	NÃO	1	0	10	177	1	UFV10371	NÃO	SIM	1	0	55	183	0
UFV10364	SIM	SIM	2	0	11	5	1	UFV10491	NÃO	NÃO	1	0	56	29	1
UFV10732	NÃO	NÃO	3	1	12	55	1	UFV10280	NÃO	SIM	2	0	57	12	0
UFV10665	NÃO	NÃO	2	1	13	3	1	UFV10759	NÃO	NÃO	1	0	58	101	1
UFV10512	NÃO	NÃO	2	1	14	17	1	UFV10781	NÃO	NÃO	3	1	59	62	1
UFV10365	SIM	NÃO	1	0	15	4	1	UFV10778	NÃO	NÃO	3	1	60	63	1
UFV10366	NÃO	NÃO	2	1	16	14	1	UFV10727	NÃO	NÃO	3	1	61	664	1
UFV10633	NÃO	NÃO	2	0	17	65	1	UFV10240	NÃO	NÃO	2	0	62	25	1
UFV10619	NÃO	NÃO	2	0	18	360	1	UFV10260	NÃO	NÃO	2	0	63	67	1
UFV10378	NÃO	NÃO	3	0	19	18	1	UFV10703	NÃO	NÃO	1	0	64	83	1
UFV10936	SIM	NÃO	2	0	20	7	1	UFV10445	NÃO	NÃO	3	1	65	60	1
UFV10598	NÃO	NÃO	1	0	21	20	1	UFV10562	NÃO	SIM	3	1	66	38	1
UFV10737	SIM	NÃO	1	0	22	27	0	UFV10178	SIM	NÃO	1	0	73	45	0
UFV10283	SIM	NÃO	2	0	23	21	0	UFV10193	NÃO	NÃO	1	0	78	58	1
UFV10355	NÃO	NÃO	1	0	24	16	0	UFV10393	NÃO	NÃO	2	1	79	42	1
UFV10341	SIM	NÃO	1	0	25	11	0	UFV10459	SIM	NÃO	3	1	80	50	1
UFV10792	NÃO	NÃO	2	1	26	9	1	UFV10137	NÃO	SIM	1	0	84	24	0
UFV10791	NÃO	NÃO	2	0	27	23	1	UFV10605	NÃO	NÃO	3	1	85	52	1
UFV10416	NÃO	NÃO	3	1	28	86	1	UFV10612	SIM	NÃO	1	0	86	54	0
UFV10559	NÃO	NÃO	1	0	29	31	1	UFV10397	NÃO	NÃO	3	1	88	56	1
UFV10411	NÃO	NÃO	2	1	30	76	1	UFV10751	SIM	NÃO	3	1	90	66	1
UFV10538	NÃO	SIM	3	1	31	115	1	UFV10505	NÃO	NÃO	2	0	97	39	1
UFV10729	NÃO	SIM	2	1	32	68	1	UFV10461	NÃO	NÃO	2	0	100	36	1
UFV10502	NÃO	NÃO	2	0	33	208	1	UFV10278	SIM	NÃO	1	0	109	51	0
UFV10434	NÃO	NÃO	2	0	34	89	1	UFV10920	SIM	SIM	1	0	111	48	0
UFV10723	NÃO	NÃO	3	1	35	351	1	UFV10497	NÃO	NÃO	2	0	115	33	1
UFV10777	NÃO	NÃO	2	0	36	19	1	UFV10433	NÃO	NÃO	1	0	119	26	1
UFV10664	NÃO	NÃO	2	0	37	47	1	UFV10440	NÃO	NÃO	1	0	125	35	1
UFV10644	NÃO	SIM	1	0	38	40	0	UFV10545	NÃO	SIM	1	0	132	37	0
UFV10617	NÃO	NÃO	2	1	39	13	1	UFV10177	NÃO	NÃO	1	0	134	49	1
UFV10325	NÃO	SIM	2	0	40	106	0	UFV10223	NÃO	SIM	1	0	150	44	0
UFV10640	SIM	NÃO	2	0	41	119	0	UFV10734	SIM	NÃO	3	1	163	43	1
UFV10136	NÃO	NÃO	1	0	42	6	1	UFV10625	NÃO	NÃO	1	0	169	34	1
UFV10721	SIM	SIM	1	0	43	116	0	UFV10105	NÃO	NÃO	2	0	177	57	1
UFV10718	NÃO	SIM	1	0	44	84	0	UFV10462	NÃO	SIM	1	0	194	30	0
UFV10386	NÃO	NÃO	2	0	206	64	1	UFV10210	NÃO	NÃO	1	0	199	53	1
Total selecionado												27			67

* GE: saliência da gema, CF: chochamento fisiológico e VIG: vigor da planta.

4. CONCLUSÃO

Com base na análise de regressão logística, foi possível avaliar a importância dos caracteres agronômicos no processo de seleção massal e predizer os indivíduos selecionáveis nas fases T1 e T2. Além disso, a árvore de decisão demonstra potencial para ser utilizada na seleção clonal da fase T2 dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, visando facilitar a identificação dos melhores genótipos.

Os caracteres número de colmos, saliência da gema e comprimento do entre-nó foram os de maior importância no processo de seleção massal realizado no T1. Vigor da planta, diâmetro de colmo e altura de colmo foram os mais importantes na seleção do T2.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRESTI, A. **An introduction to categorical data analysis**. 2ª ed. Hoboken: John Wiley & Sons, 2007.

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transaction on Automatic Control**, v. 19, p.716-723, 1974.

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

BRASILEIRO, B. P.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Consistency of the results of path analysis among sugarcane experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.13, p.113-119, 2013.

BREIMAN, L.; FRIEDMAN, J. C.; OLSHEN, R. A. **Classification and Regression Trees.** Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 1984. 358p.

BRESSIANI, J. A.; VENCOVSKY, R.; BURNQUIST, W. L. Modified family selection in sugarcane. **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists**, v.25, p.459–467, 2005.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: diversidade genética**. Viçosa: UFV, 2008. 278p.

ESPÓSITO, D. P.; PETERNELLI, L. A.; PAULA, T. O. M.; BARBOSA, M. H. P. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v.42, p.38-44, 2012.

FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Piracicaba: STAB, 2003. 240p.

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

OLIVEIRA, RA.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, JC.; ZAMBON, JLC.; IDO, OT.; WEBER, H.; RESENDE, MDV.; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. ***Scientia Agraria***, Curitiba, v.9, n.3, p.269-274, 2008.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; COSTA, P. M. A.; SILVA, F. L. (2008) Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. **Revista Ceres**, v.55, p.1-8, 2008.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M.; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v.39, p.2425-2430, 2009.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Áustria, 2013. Disponível em http://www.R-project.org.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos.** Colombo: Embrapa Florestas. 2007.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.421-429, 2006.

SIMMONDS, N. W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, v.90, p.201-208, 1996.

STRINGER, J. K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X.; HOGARTH, D. M. Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. **Sugar Tech**, v.13, p.36–41, 2011.

SOUZA, E. F. M.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Designs and model effects definitions in the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.3, p.369-375, 2006.

ZHOU, M. M.; COLLINS A. KIMBENG, C. A.; TEW T. L.; GRAVOIS, K. A., PONTIF, M. J. Artificial neural network models as a decision support tool for selection in sugarcane: a case study using seedling populations. **Crop Science**, v. 51, p.21-31, 2011.

CAPÍTULO 3

NOVAS ESTRATÉGIAS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

VIÇOSA
MINAS GERAIS- BRASIL
2013

1. NOVAS ESTRATÉGIAS

Visando contribuir com o sucesso dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar algumas sugestões de novos procedimentos são apresentadas a seguir. As novas estratégias podem ser incorporadas de forma completa ou parcial objetivando aumentar a precisão e a rapidez durante os processos de seleção nas fases iniciais (T1 e T2).

Um dos procedimentos que pode ser adotado é o sistema de semeio e plantio denominado Tapetinho (RIDESA, 2013). Essa estratégia permite avaliar milhões de seedlings em uma área experimental bastante reduzida (1.000m² = 4.000.000 de seedlings).

Como forma de adaptar o sistema Tapetinho a seleção de famílias, propomos inicialmente a realização da seleção apenas dentro de famílias, cinco meses após o semeio (semeio em julho e seleção em dezembro), visando obter 200 seedlings por família para implantação do T1 colmo - sem repetição (convencional) em uma área experimental maior (40.000m² = 40.000 clones). Cada sulco do T1 convencional deve ser formado por 200 plantas de uma determinada família, ou seja, cada sulco representando uma família.

O T1 convencional deve ser cortado em julho do ano seguinte para acelerar a soca. Em fevereiro do segundo ano, um colmo de cada touceira do T1 convencional deve ser utilizado para a implantação dos ensaios de famílias (T1 colmo) e em julho deve ser cortado novamente para a seleção ser realizada na ressoca.

O T1 colmo deve ser implantado em cada local com 3 a 6 repetições por família. Como são necessários cinco colmos para cada repetição (parcela), 30 colmos por família são suficientes para a instalação de cada experimento com 6 repetições. Com o plantio de 200 clones por família no T1 convencional, seria possível avaliar cada família em 6 locais retirando apenas 1 colmo de cada touceira. A implantação de ensaios de famílias em vários locais aumentaria a acurácia e as interações GxA poderiam ser melhor exploradas. Para a avaliação de 200 famílias seria necessário uma área de aproximadamente 10.000m² por localidade.

Os ensaios de famílias devem ser avaliados nas fases de cana planta. As parcelas devem ser colhidas sempre que possível de forma integral, ou

seja, com a pesagem de toda a parcela. Após o ordenamento das famílias com base no TCH, deve-se praticar a seleção apenas dentro das melhores famílias.

A seleção dentro deve ser realizada no T1 convencional, no estágio de cana ressoca. Nessa seleção deve-se amostrar de 25 a 50 clones dentro das melhores famílias. Preferencialmente, deve-se buscar selecionar um mesmo número de plantas em cada família, de forma a diminuir os efeitos do desbalanceamento experimental na fase T2.

Os clones selecionados no T1 convencional são avançados para o T2 no delineamento em blocos aumentados (Souza et al., 2006; Peternelli et al., 2009). Inicialmente, devido ao baixo número de gemas disponíveis para plantio, o T2 deve ser implantado apenas no local onde for realizada a seleção dentro de famílias, ou seja, no mesmo local onde o T1 convencional for instalado.

No T2 as melhores famílias e os melhores indivíduos poderão ser avaliados novamente e com a possibilidade da pesagem de todas as parcelas de forma integral. Consequentemente, na seleção do T2 o BLUP individual (BLUPI) poderá ser aplicado, pois será possível fazer uso das informações de genótipos e das famílias na estimativa das médias para TCH e TPH. Além disso, essa seria uma população potencial para aplicação da seleção genômica ampla (GWS), pois nessa fase os clones das melhores famílias podem ser fenotipados com mais eficiência.

Pensando em um programa de melhoramento que avalia aproximadamente 100 famílias por ano e seguindo a recomendação de amostrar 50 indivíduos por família (Resende e Barbosa, 2006) em 40% das melhores famílias de cana-de-açúcar (Stringer et al., 2011), a população de fenotipagem e genotipagem (T2) seria constituída de 2.000 indivíduos, número suficiente para a aplicação da GWS (Resende et al., 2011).

Após o estágio de cana planta, deve ser realizado o corte do experimento para implantação de outros T2 nos outros locais onde as famílias foram avaliadas inicialmente. Após dois anos de avaliação de cada T2, 10% dos melhores clones em cada local serão avançados para a fase T3 que poderá ser instalada em mais locais.

Os melhores clones selecionados no T2 participarão dos futuros cruzamentos para a obtenção de novas populações segregantes. Com a possibilidade de genotipagem e aplicação da seleção genômica, após a

validação dos marcadores associados com as características de interesse, a seleção poderá ser praticada na fase juvenil, com base nos genótipos obtidos logo depois do semeio das famílias, sem a necessidade de realização da avaliação fenotípica nas próximas gerações recombinantes.

Essas estratégias usariam as informações de interação GxA desde a fase T1, ou seja, as famílias e clones serão selecionados de forma a explorar ao máximo a interação GxA, proporcionando maiores ganhos genéticos para cada ambiente. Todo o esquema de seleção sugerido para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar é apresentado na Figura 1.

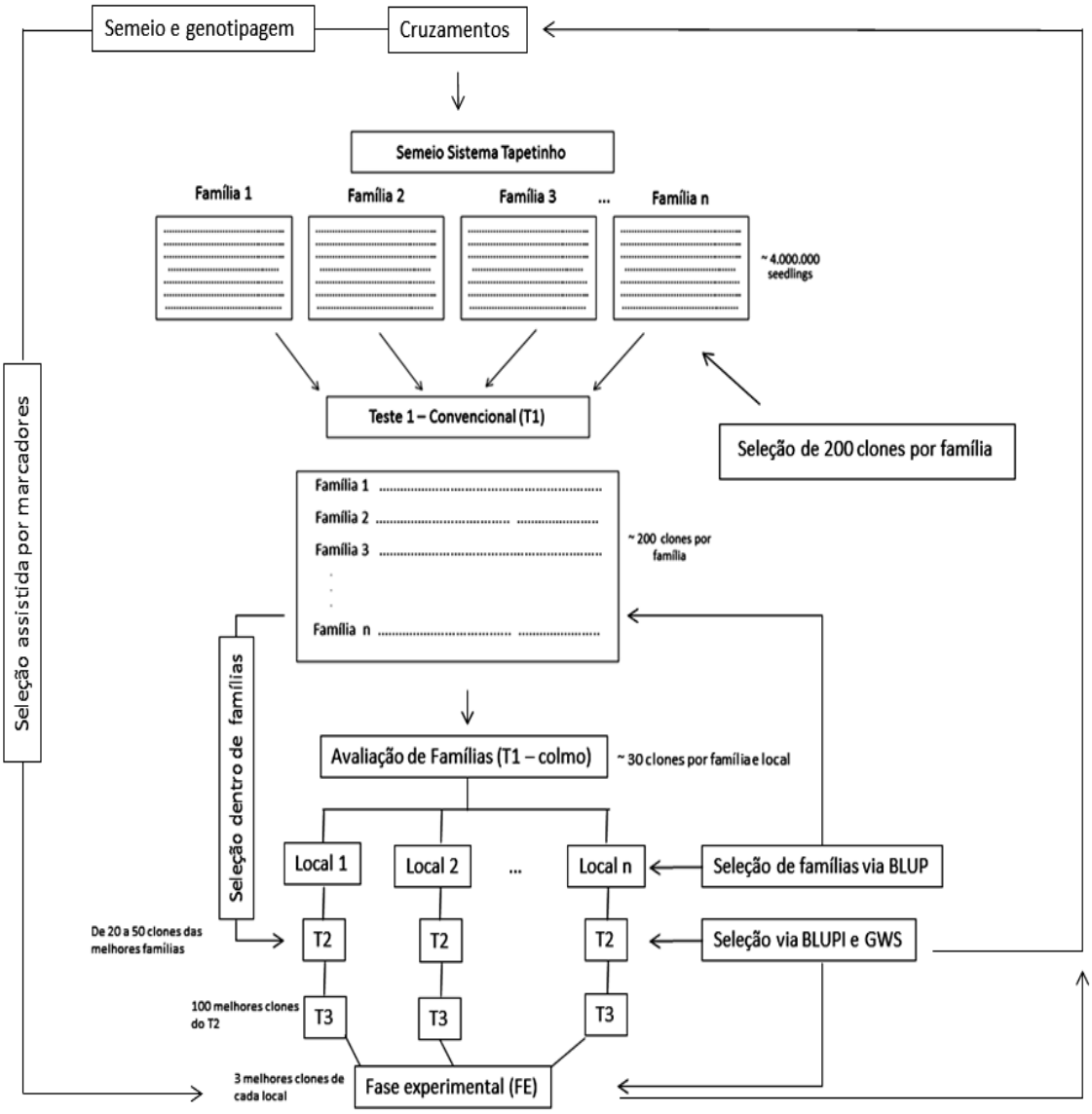


Figura 1 - Esquema de integração de diferentes procedimentos experimentais e estratégias de seleção para o aumento da eficiência dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar. Fonte: Autor.

A integração das várias estratégias apresentadas pode tornar os programas de melhoramento da cana-de-açúcar mais eficientes na seleção tanto das melhores famílias quanto dos melhores indivíduos, pois haverá um aumento da precisão nas etapas iniciais de seleção sem perder a agilidade necessária para o lançamento de novas cultivares.

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M.; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v.39, p.2425-2430, 2009.

STRINGER, J. K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X.; HOGARTH, D. M. Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. **Sugar Tech**, v.13, p.36–41, 2011.

SOUZA, E. F. M.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Designs and model effects definitions in the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.3, p.369-375, 2006.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.421-429, 2006.

RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; VIANA, J.M.S.; PETERNELLI, L.A.; RESENDE JR, M.F.R.; VALLE, P.R.M. **Métodos estatísticos na seleção genômica ampla**. Colombo: Embrapa Florestas, 2011. 106p.

RIDESA. **Relatório Técnico – ano/2012**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2013. 84p.

CONCLUSÕES GERAIS

Dentre as estratégias aplicadas na fase T1, a seleção via BLUP-seq foi a que mais contribuiu com clones de maiores médias para TCH e TPH no T2, seguido do BLUPIS, seleção via NC, Massal-1 e Massal-2.

Os métodos visuais acarretam em maior pressão de seleção, diminuindo as chances de selecionar os melhores genótipos.

A árvore de decisão demonstrou potencial para ser utilizada na seleção clonal da fase T2 dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, visando facilitar a identificação dos melhores genótipos.

Os caracteres número de colmos, saliência da gema e comprimento do entre-nó foram os de maior importância no processo de seleção massal realizado no T1. Vigor da planta, diâmetro de colmo e altura de colmo foram os mais importantes na seleção do T2.

As novas estratégias propostas poderão aumentar a precisão nas etapas iniciais de seleção sem que ocorra acréscimo no tempo necessário para o lançamento de novas cultivares.

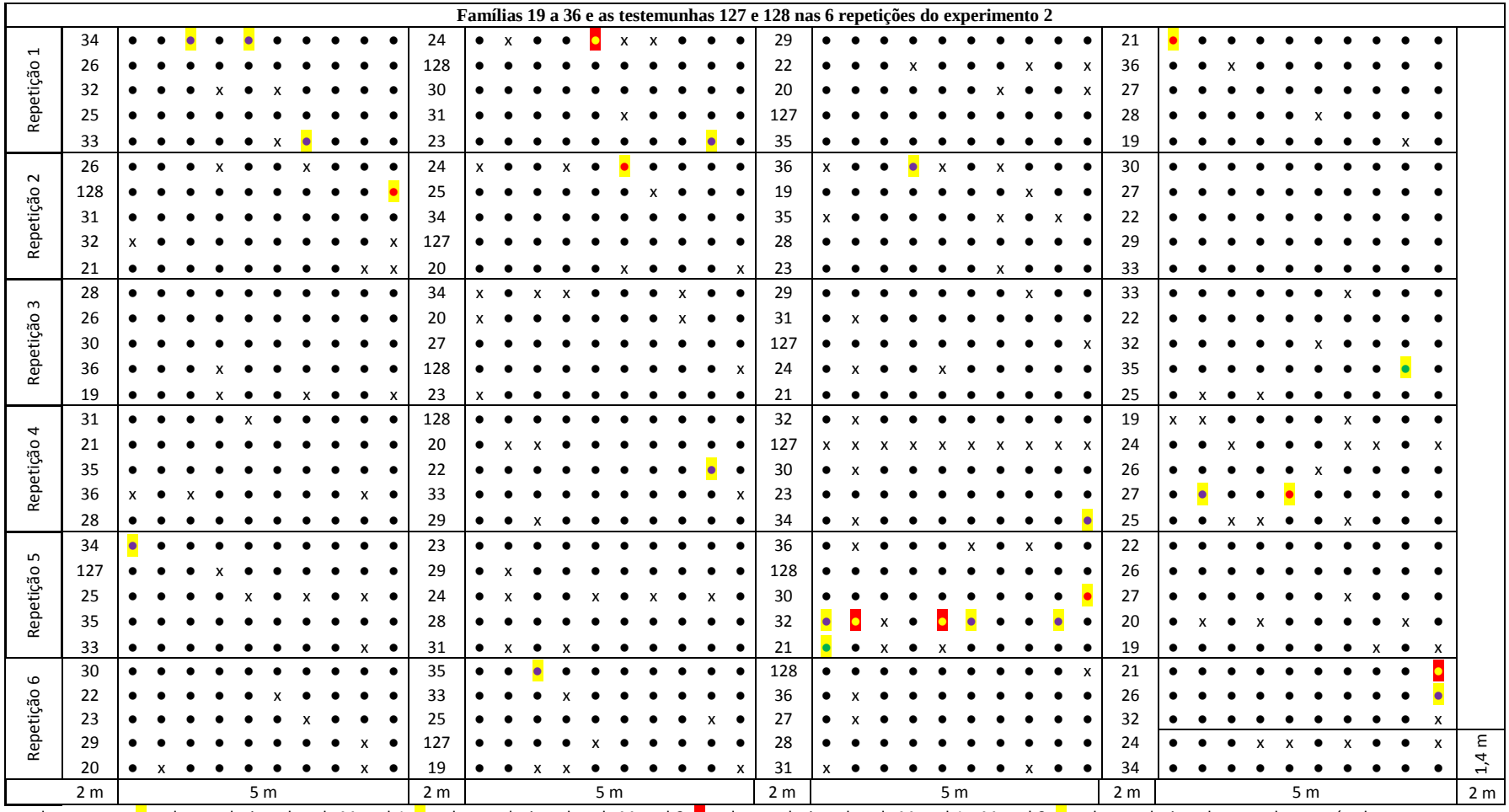
ANEXOS

ANEXO 1 - Mapa de campo do experimento 1

Famílias 1 a 18 e as testemunhas 127 e 128 nas 6 repetições do experimento 1

| | | |

ANEXO 2 - Mapa de campo do experimento 2



x = planta morta; ● = planta selecionada pelo Massal-1; ● = planta selecionada pelo Massal-2; ● = planta selecionada pelo Massal-1 e Massal-2; ● = planta selecionada por todos os métodos.

ANEXO 3 - Mapa de campo do experimento 3

Famílias 37 a 54 e as testemunhas 127 e 128 nas 6 repetições do experimento 3

Repetição 1	46	x	●	●	●	●	●	●	●	●	●	49	●	●	●	●	●	●	●	x	x	●	44	●	●	x	x	●	●	●	●	●	●	42	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	50	●	x	●	x	●	●	●	●	x	●	48	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	54	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	127	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	52	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●	43	●	x	x	●	●	●	●	●	●	●	38	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	40	●	●	●	●	●	●	●	x	x	●
	47	●	●	●	●	x	●	●	●	●	x	53	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	41	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	37	x	●	●	●	●	●	●	●	●	x
	51	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●	45	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●	128	●	x	●	●	x	●	●	●	●	●	39	x	●	●	●	●	x	●	●	●	●
Repetição 2	43	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	51	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	47	●	●	●	●	x	●	x	●	●	●	38	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x
	44	●	x	●	●	●	●	●	●	●	●	39	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●	50	●	●	●	x	●	●	●	●	●	●	45	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	41	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	40	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	46	●	x	●	x	●	●	●	x	●	●	53	●	●	●	x	●	●	●	●	x	●
	128	●	●	●	x	●	●	●	●	●	●	49	●	●	●	●	x	●	x	●	●	x	37	●	●	●	●	●	●	x	●	●	●	48	●	●	●	●	●	●	●	x	●	●
	42	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	52	●	●	●	●	●	●	x	●	●	●	127	x	●	x	●	x	●	●	●	x	●	54	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
Repetição 3	51	●	●	x	●	●	●	x	●	●	●	43	x	●	●	●	●	●	●	●	●	●	127	●	●	●	●	●	●	●	x	●	●	39	●	●	●	●	●	x	●	●	x	●
	47	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	44	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●	52	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	45	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	42	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	128	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	40	●	●	●	●	●	●	x	●	●	●	53	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●
	37	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x	46	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x	48	●	●	●	●	x	x	x	●	●	x	54	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	49	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	38	●	●	x	●	●	●	●	●	●	●	50	●	●	●	x	●	●	●	●	●	●	41	x	●	●	●	●	●	●	●	●	●
Repetição 4	37	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	127	●	●	●	●	x	●	●	●	●	x	54	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x	48	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x
	42	●	●	●	●	x	●	●	●	●	x	43	x	●	●	●	●	●	●	●	x	●	39	x	●	●	●	●	●	●	●	●	●	45	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	41	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●	44	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x	40	●	●	●	●	●	x	●	●	●	●	52	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	47	●	x	●	●	●	●	●	●	●	●	128	●	x	●	●	●	●	●	●	●	●	51	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	38	●	●	●	●	x	●	x	●	x	●
	50	●	●	●	x	●	●	●	●	●	●	53	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●	46	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	49	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●
Repetição 5	128	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●	40	●	●	●	●	●	x	●	●	●	●	48	●	●	●	●	●	●	x	●	●	●	51	●	●	x	●	●	●	●	●	●	●
	54	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	43	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	47	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x	37	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	50	●	●	x	●	●	●	●	●	x	●	39	●	●	●	●	●	●	x	●	●	●	52	●	●	●	●	x	x	●	●	●	●	42	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
	41	●	●	●	●	x	●	●	●	x	x	38	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●	43	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	46	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x
	53	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	127	●	●	●	●	x	●	●	x	●	●	49	●	●	●	●	●	x	●	●	x	x	44	●	●	x	●	●	●	●	●	●	●
Repetição 6	45	●	●	●	●	●	●	●	x	●	●	51	●	●	x	●	●	●	●	●	●	●	42	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	38	●	x	x	●	●	●	●	●	●	●
	41	●	●	●	x	●	●	●	●	●	●	37	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	40	●	●	●	●	●	●	●	x	●	●	48	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●
	44	●	●	●	x	●	●	●	x	●	●	49	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●	39	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●	128	●	●	●	●	●	x	●	●	●	●
	127	●	●	●	●	●	●	x	●	●	●	47	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	50	●	●	●	●	●	●	●	●	●	x	46	●	●	●	●	x	●	●	●	●	●
	54	●	●	●	●	●	●	●	●	x	●	53	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	52	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	43	●	●	●	●	●	x	●	●	●	●
	2 m	5 m										2 m	5 m										2 m	5 m										2 m	5 m										2 m

1,4 m

x = planta morta; ● = planta selecionada pelo Massal-1; ● = planta selecionada pelo Massal-2; ● = planta selecionada pelo Massal-1 e Massal-2; ● = planta selecionada por todos os métodos.

ANEXO 4 - Mapa de campo do experimento 4

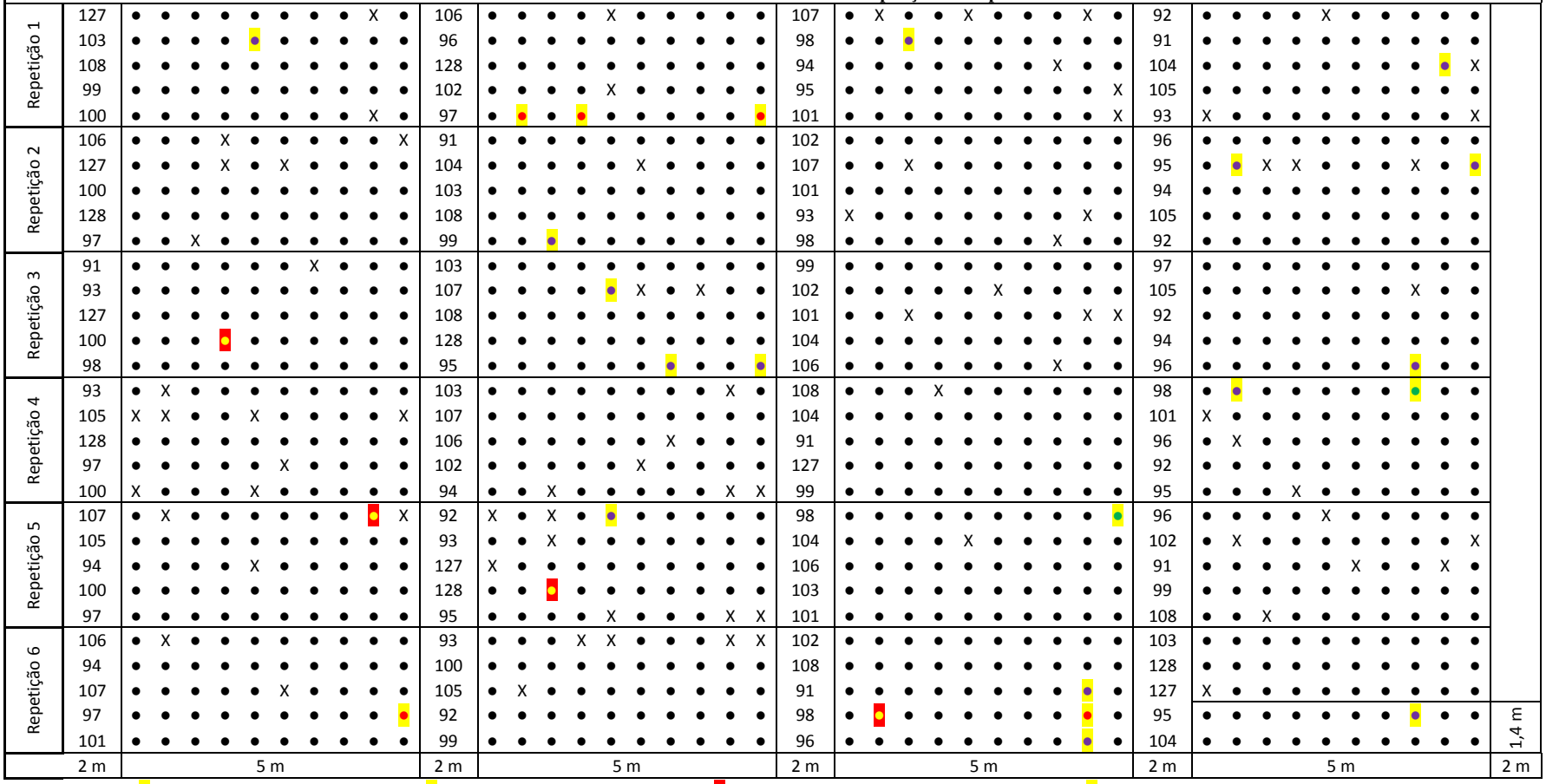
| Famílias 55 a 72 e as testemunhas 127 e 128 nas 6 repetições do experimento 4 | | |

ANEXO 5 - Mapa de campo do experimento 5

| Famílias 73 a 90 e as testemunhas 127 e 128 nas 6 repetições do experimento 5 | | |

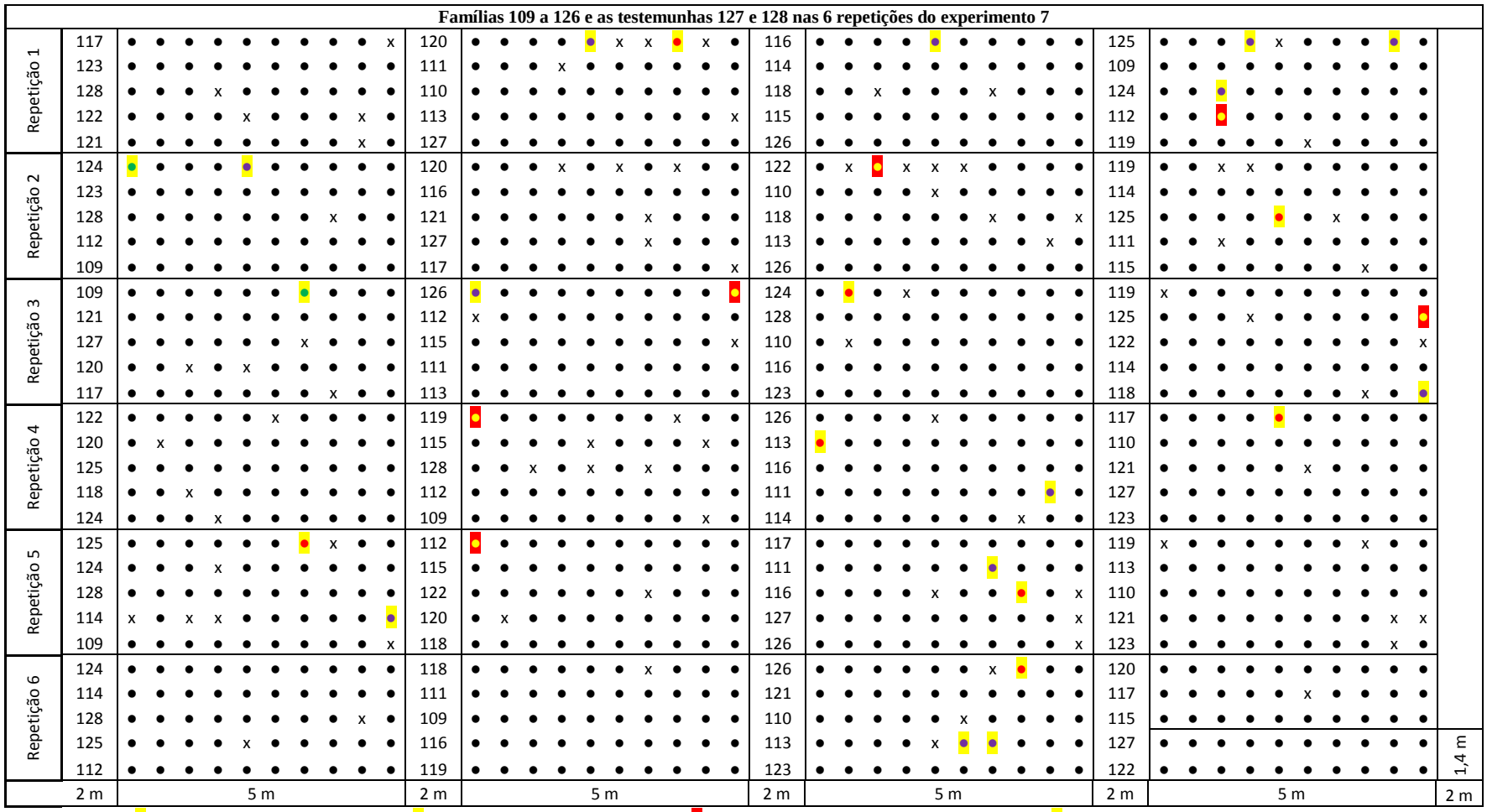
ANEXO 6 - Mapa de campo do experimento 6

Famílias 91 a 108 e as testemunhas 127 e 128 nas 6 repetições do experimento 6



x = planta morta; ● = planta selecionada pelo Massal-1; ● = planta selecionada pelo Massal-2; ● = planta selecionada pelo Massal-1 e Massal-2; ● = planta selecionada por todos os métodos.

ANEXO 7 - Mapa de campo do experimento 7



x = planta morta; ● = planta selecionada pelo Massal-1; ● = planta selecionada pelo Massal-2; ● = planta selecionada pelo Massal-1 e Massal-2; ● = planta selecionada por todos os métodos.

ANEXO 8 - Famílias de meio-irmãos avaliadas e seus respectivos códigos usados no mapa de campo.

Família	Código	Família	Código	Família	Código
RB992538 × ?	1	RB021728 × ?	44	UFV04479 × ?	87
RB982639 × ?	2	RB971747 × ?	45	RB835486 × ?	88
RB951541 × ?	3	RB943066 × ?	46	UFV02180 × ?	89
SP87-365 × ?	4	RB941009 × ?	47	RB946915 × ?	90
SP83-2847 × ?	5	RB963183 × ?	48	RB912525 × ?	91
RB972734 × ?	6	RB021722 × ?	49	RB9629 × ?	92
RB987957 × ?	7	LAICA98-208 × ?	50	UFV02186 × ?	93
RB92533 × ?	8	RB963043 × ?	51	RB967561 × ?	94
RB882980 × ?	9	RB988090 × ?	52	RB983149 × ?	95
CO419 × ?	10	LAICA94-813 × ?	53	RB051501 × ?	96
RB951584 × ?	11	RB885007 × ?	54	RB946900 × ?	97
LAICA00-301 × ?	12	LAICA98-213 × ?	55	RB01478 × ?	98
RB972655 × ?	13	RB963193 × ?	56	RB01623 × ?	99
RB943414 × ?	14	RB962560 × ?	57	RB01640 × ?	100
RB943365 × ?	15	RB892783 × ?	58	RB011519 × ?	101
RB992529 × ?	16	RB882534 × ?	59	RB011535 × ?	102
RB972817 × ?	17	RB896387 × ?	60	RB011540 × ?	103
RB987931 × ?	18	RB971744 × ?	61	RB017914 × ?	104
RB863129 × ?	19	RB99395 × ?	62	RB040822 × ?	105
RB973769 × ?	20	RB998132 × ?	63	RB040829 × ?	106
RB962794 × ?	21	SP79-3132 × ?	64	RB9620 × ?	107
RB935744 × ?	22	RB992565 × ?	65	RB961012 × ?	108
RB936109 × ?	23	SP79-2233 × ?	66	RB961517 × ?	109
RB979539 × ?	24	RB987928 × ?	67	RB961538 × ?	110
RB962932 × ?	25	RB027063 × ?	68	RB961542 × ?	111
RB83160 × ?	26	RB987857 × ?	69	RB961554 × ?	112
CP69-1062 × ?	27	RB977617 × ?	70	RB965581 × ?	113
RB931511 × ?	28	RB961552 × ?	71	RB96502 × ?	114
CO285 × ?	29	RB943352 × ?	72	RB97301 × ?	115
RB021740 × ?	30	RB992584 × ?	73	RB971739 × ?	116
RB987933 × ?	31	RB988079 × ?	74	RB011715 × ?	117
RB962933 × ?	32	RB963191 × ?	75	RB040812 × ?	118
RB972610 × ?	33	RB977625 × ?	76	RB040814 × ?	119
RB962732 × ?	34	RB998118 × ?	77	RB040818 × ?	120
RB969532 × ?	35	UFV02264 × ?	78	F150 × ?	121
RB987983 × ?	36	RB946015 × ?	79	RB040811 × ?	122
VAT90-212 × ?	37	RB992546 × ?	80	RB988137 × ?	123
RB867515 × ?	38	UFV031 × ?	81	RB975941 × ?	124
RB941582 × ?	39	RB972604 × ?	82	RB975949 × ?	125
IAC86-3034 × ?	40	RB997984 × ?	83	RB01461 × ?	126
RB972797 × ?	41	RB988113 × ?	84	RB011532 × ?	127
RB931611 × ?	42	RB988556 × ?	85	SP80-3250 × ?	128
RB963240 × ?	43	RB92596 × ?	86		