

RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE MATURAÇÃO PRECOCE EM CANA-DE-
AÇÚCAR VIA REML/BLUP**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para a obtenção do grau de Doutor em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Edelclaiton Daros

CURITIBA

2007



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA E FITOSSANITARISMO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA
PRODUÇÃO VEGETAL

PARECER

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Tese de DOUTORADO, apresentada pelo candidato RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA, sob o título "SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE MATURAÇÃO PRECOCE EM CANA-DE-AÇÚCAR VIA REML/BLUP", para obtenção do grau de Doutor em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.

Após haver analisado o referido trabalho e arguido o candidato são de parecer pela "APROVAÇÃO" da Tese.


Curitiba, 24 de Julho de 2007.


Professor Dr. Marcelo Barbosa
Primeiro Examinador


Dr. Estefano Paludzyszyn Filho
Segundo Examinador


Professor Dr. João Carlos Bespathok Filho
Terceiro Examinador


Professor Dr. José Luis Camargo Zambon
Quarto Examinador


Professor Dr. Oswaldo Teruyo Ido
Quinto Examinador


Professor Dr. Edelclaiton Daros
Presidente da Banca e Orientador

Dedico

A minha esposa, Giovana, pelo amor, carinho, incentivo e dedicação, me ajudando e fortalecendo a trilhar este caminho.

Aos meus pais, Sidnei e Regina, que me deram carinho, incentivo, confiança e compreensão em todos os momentos da minha vida.

Aos meus irmãos, Sandro, Adriana, Matheus e Rebeca.

AGRADECIMENTOS

Ao Orientador Dr. Edelclaiton Daros, por dar oportunidade na realização deste doutorado, pelo constante apoio, e pelo grande amigo e admirável espírito humano.

Ao professor Dr. João Carlos Bernaldo Filho, pela co-orientação, incentivo, valiosas sugestões, e pela grande amizade.

Ao pesquisador Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pela co-orientação e direcionamento nas análises estatísticas.

Ao professor Dr. José Luis Camargo Zambon, pela amizade, estímulo e grandes lições de vida.

Ao professor Dr. Oswaldo Teruyo Ido, pelas explicações sobre a cultura da cana-de-açúcar.

Ao Pesquisador Dr. Heroldo Weber, pelo incentivo e amizade.

Ao Professor Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela disponibilização do material bibliográfico.

Ao Pesquisador Dr. Estefano Paludzyszyn Filho, por sua contribuição na melhoria deste trabalho.

Aos amigos do Programa Cana, o Eng. Agrônomo Hugo Neto e o estagiário Tiago, pela amizade.

A todos os colegas, professores e funcionários do Curso de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal da Universidade Federal do Paraná, pelo saudável relacionamento profissional e pessoal.

À todos os funcionários da Estação Experimental de Paranaíba, pela dedicação durante a condução dos trabalhos de campo.

À Usina Cocamar pela disponibilização da estrutura de campo e pelas análises tecnológicas.

À todas as pessoas que de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

Enfim, a Deus, por proporcionar-me tudo isso, peço que Ele ilumine todos aqueles que me apoiaram.

BIOGRAFIA DO AUTOR

RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA, filho de Sidnei Marcos de Oliveira e Regina Mara Marcos de Oliveira, nasceu em Curitiba, Estado do Paraná, em 10 de abril de 1975.

Ingressou na Universidade Federal do Paraná, no curso de Agronomia, no segundo semestre do ano de 1997, na qual recebeu o grau de Engenheiro Agrônomo no ano de 2002.

Fez estágio no Departamento de Botânica da Universidade Federal do Paraná, no ano de 1998. No ano seguinte foi monitor da Disciplina de Morfologia Vegetal II, do curso de Agronomia, nesta mesma instituição. No ano de 2000, foi professor em escolas estaduais da região Metropolitana de Curitiba, na qual lecionou aulas de Química para o Ensino Médio. De 2001 a 2004, foi estagiário do Programa Cana-de-Açúcar / RIDESA / UFPR. Entre o período de junho de 2003 a junho de 2005, lecionou aulas como professor substituto nesta mesma instituição, nas disciplinas de Melhoramento de Plantas e Agricultura Especial III, do Curso de Agronomia. Fez o Mestrado em Agronomia, Produção Vegetal da Universidade Federal do Paraná, entre o período de março de 2003 a dezembro de 2004.

Em março de 2005 iniciou o curso de Doutorado em Agronomia, Área de concentração em Produção Vegetal, no Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo da Universidade Federal do Paraná.

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS	iv
BIOGRAFIA DO AUTOR	v
LISTA DE TABELAS	viii
LISTA DE FIGURAS	xi
LISTA DE ANEXOS	xii
RESUMO	xiv
ABSTRACT	xv
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 CARACTERÍSTICA BOTÂNICA	3
2.2 OBJETIVOS DO MELHORAMENTO	4
2.2.1 Correlação entre Caracteres de Seleção	4
2.2.2 Parâmetros Genéticos	6
2.3 MELHORAMENTO DE PLANTAS DE PROPAGAÇÃO ASSEXUADA	7
2.4 ANÁLISE DE EXPERIMENTOS VIA MODELOS MISTOS	9
2.4.1 Análise via REML/BLUP	11
2.5 SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR	15
2.5.1 Seleção Individual em Cana-de-Açúcar	16
2.5.2 Seleção de Famílias em Cana-de-Açúcar	17
2.5.3 Seleção de Famílias via REML/BLUP	20
2.5.4 Seleção via BLUP Individual Simulado – BLUPIS	21
2.5.5 Seleção de Genitores	23
2.6 DIVERGÊNCIA GENÉTICA	25
2.6.1 Distâncias Estatísticas e Análise de Agrupamento	25
2.6.2 Distância de Mahalanobis	26
2.6.3 Agrupamento de Tocher	27
2.6.4 Agrupamento Hierárquico	27
2.6.5 Divergência Genética em Cana-de-Açúcar	28
3 METODOLOGIA	30
3.1 POPULAÇÃO ORIGINAL	30
3.2 CARACTERIZAÇÃO DO LOCAL DO EXPERIMENTO	33
3.3 EXPERIMENTO A CAMPO	33
3.4 COLETA DOS DADOS A CAMPO	34
3.5 COMPONENTES DE PRODUTIVIDADE	35
3.6 CARACTERES TECNOLÓGICOS	36
3.7 ANÁLISE GENÉTICA – VIA REML/BLUP	37
3.7.1 Modelo Estatístico 38 - blocos incompletos, várias plantas por parcela, genitores não aparentados	38

3.7.2 Modelo Estatístico 35 - blocos incompletos, uma planta por parcela, genitores não aparentados	42
3.7.3 BLUPIS – BLUP Individual Simulado	45
3.7.4 Correlação entre BLUP IS x BLUP	46
3.7.5 Correlação entre Caracteres	46
3.8 ANÁLISE DE DEVIANCE (ANADEV)	47
3.9 ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA	47
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
4.1 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS	50
4.1.1 Caracteres Diâmetro e Estatura de Colmos, Número de Perfilhos por Touceira e Brix (%) Cana	50
4.1.2 Caracteres Massa Média de Colmo, TCH e TBH	53
4.1.3 Caracteres Pol (%) Cana, ART (%) Cana, Fibra (%) Cana e Pureza (%) Cana	56
4.2 SELEÇÃO DE FAMÍLIAS	58
4.3 SELEÇÃO VIA PROCEDIMENTO BLUPIS	70
4.4 EFEITO GENÉTICO ADITIVO DOS GENITORES	77
4.5 CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO	94
4.6 DIVERGÊNCIA GENÉTICA	103
5 CONCLUSÕES	109
6 REFERÊNCIAS	110

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Número de cruzamentos biparentais, relação dos genitores femininos (F) e masculinos (M), e códigos usados para identificação dos cruzamentos, utilizados no experimento de estudo de famílias de irmãos germanos em cana-de-açúcar, série RB03, 2006.	31
TABELA 2 - Relação dos genitores e número de vezes que apareceram como progenitores femininos, masculinos e número total, no estudo de famílias de irmãos germanos em cana-de-açúcar, obtidos a partir de cruzamentos biparentais, série RB03, 2006.	32
TABELA 3 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: diâmetro de colmo (cm), estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, de 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	51
TABELA 4 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH), de 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	54
TABELA 5 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: pol (%) cana, açúcares redutores totais – ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana, de 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	58
TABELA 6 - Valores genotípicos (Vgf) e média geral das 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis diâmetro de colmo (cm), estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	60
TABELA 7 - Valores genotípicos (Vgf) e média geral das 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	64
TABELA 8 - Valores genotípicos (Vgf) e média geral das 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana, pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	68

TABELA 9 - Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre os caracteres: diâmetro (cm) e estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira, Brix (%) cana, massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH), pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana, obtido a partir de 80 famílias de irmão-germano de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	70
TABELA 10 - Efeito genotípico relativo ($g_{relativo}$) das 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) via método BLUPIS, para as variáveis diâmetro (cm) e estatura (m) de colmos, número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	71
TABELA 11 - Efeito genotípico relativo ($g_{relativo}$) das 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) via método BLUPIS, para as variáveis massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	74
TABELA 12 - Efeito genotípico relativo ($g_{relativo}$) das 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) via método BLUPIS, para as variáveis pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	75
TABELA 13 - Estimativa dos coeficientes de correlação entre a metodologia de seleção via BLUP individual e BLUPIS, a partir de 80 famílias de irmão-germano de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	77
TABELA 14 - Componentes de média BLUP (a = efeito genético aditivo, $u+a$ = valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis diâmetro de colmo (cm) e estatura de colmos (m). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	79
TABELA 15 - Componentes de média BLUP (a = efeito genético aditivo, $u+a$ = valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	82
TABELA 16 - Componentes de média BLUP (a = efeito genético aditivo, $u+a$ = valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para a variável massa média de colmo (kg). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	86

TABELA 17 - Componentes de média BLUP (a = efeito genético aditivo, $u+a$ = valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis tonelada de cana por hectares (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	88
TABELA 18 - Componentes de média BLUP (a = efeito genético aditivo, $u+a$ = média genética e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos bi-parentais para os caracteres pol (%) cana e açúcar redutores totais - ART (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	90
TABELA 19 - Componentes de média BLUP (a = efeito genético aditivo, $u+a$ = média genética e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos bi-parentais para os caracteres fibra (%) cana e pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006. ...	93
TABELA 20 - Efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para as 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis diâmetro de colmo (cm), estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	96
TABELA 21 - Efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para as 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	98
TABELA 22 - Efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para as 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis pol (%) cana, açúcar redutores totais - ART (%) cana, fibra (%) cana, pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	101
TABELA 23 - Análise de agrupamento pelo método de Tocher a partir das Distâncias Genéticas de Mahalanobis, entre os genitores utilizados em cruzamentos biparentais de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	105

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1 - Esquema básico para a geração de clones superiores em espécies de propagação vegetativa (RESENDE e BARBOSA, 2005). 8
- FIGURA 2 - Esquema básico mostrando as etapas da seleção em um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar. (Adaptado de BRESSIANI, 2001; MATSUOKA, 2005). 16
- FIGURA 3 - Dendrograma obtido pelo método do vizinho mais próximo a partir da matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis, entre 69 genitores utilizados em cruzamentos biparentais de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006. 106

LISTA DE ANEXOS

ANEXO 1 - Temperatura média máxima (°C), temperatura média mínima (°C), temperatura média mínima (°C) e precipitação mensal (mm) entre o período de janeiro de 2004 à julho de 2006. Estação Meteorológica de Cianorte, SIMEPAR, PR, 2004-2006.	123
ANEXO 2 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro de colmo (cm), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	124
ANEXO 3 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter estatura de colmo (m), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	124
ANEXO 4 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter número de perfilhos por touceira, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	124
ANEXO 5 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter Brix (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	125
ANEXO 6 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter massa de um colmo (kg), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	125
ANEXO 7 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter tonelada de cana por hectare (TCH), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	125
ANEXO 8 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter tonelada de Brix por hectare (TBH), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	126
ANEXO 9 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter pol (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	126
ANEXO 10 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter ART (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	126

ANEXO 11 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter fibra (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	127
ANEXO 12 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter pureza (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.	127

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi selecionar famílias precoces e genitores de cana-de-açúcar oriundas de cruzamentos biparentais, via modelos mistos: REML/BLUP, sendo posteriormente avaliada a divergência genética nas famílias estudadas. Adotou-se a metodologia REML/BLUP, onde o REML estimou a variância genética e o BLUP a predisse os valores genéticos das famílias e dos genitores utilizados no presente estudo. A divergência genética foi estimada pela análise de agrupamento, método de Tocher, e por meio de dendrograma pelo método de vizinho mais próximo. Para este estudo foram utilizadas 80 famílias originadas da série RB03, provenientes de cruzamentos realizados na Estação da Serra do Ouro, Município de Murici, Alagoas, no ano de 2003. O trabalho foi conduzido em área experimental, localizado no Município de São Tomé, Paraná. O delineamento experimental foi em blocos incompletos, com cinco repetições por família. Cada parcela foi composta de dez plantas. Para seleção das famílias superiores foram consideradas as variáveis estatura de colmos (m), diâmetro de colmo (cm), número de colmos por touceira, Brix (%) cana, massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH), e variáveis tecnológicas como; pol (%) cana, açúcares redutores totais - ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana. De acordo com os resultados obtidos, verificou-se que as variáveis analisadas apresentaram herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) de baixas a médias magnitudes, variando de 0,009 a 0,45, enquanto que em nível de famílias a herdabilidade média das famílias (\hat{h}_{mf}^2) variaram de 0,72 a 0,87. A variação genética entre as famílias foi explicada pelos efeitos genéticos aditivos e não aditivos. Para a variável Brix (%) cana houve predominância dos efeitos genéticos aditivos. Para fibra (%) cana houve predominância dos efeitos genéticos não aditivos. As variáveis diâmetro e estatura de colmos, número de perfilhos por touceira, massa média de colmo, tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH), pol (%) cana, ART (%) cana e pureza (%) cana foram explicados tanto pelos efeitos genéticos aditivos e não aditivos. As cinco melhores famílias para TBH, foram 449, 1919, 5811, 6645, 1217 e 6114, tendo apresentado elevada capacidade específica de combinação (CEC). Os cinco melhores genitores para esta característica foram RB825336, SP80-1816, RB825548, RB855113 e RB845257. Verificou-se que as melhores famílias foram formadas de cruzamentos divergentes e com elevada CEC. O uso do método REML/BLUP permitiu estimar a variância genética e predizer os valores genotípicos das famílias e os valores genéticos dos genitores indicando os melhores para a seleção.

Palavras-chave: *Saccharum* spp, estratégias de seleção, modelos mistos, seleção de genitores, melhoramento de cana-de-açúcar.

SELECTION OF PRECOCIOUS MATURATION SUGARCANE FAMILIES BY REML/BLUP

ABSTRACT

The objectives of this work were to select precocious families and parents of sugarcane originated from biparental crosses, using mixed models: REML/BLUP, and also to study the genetic divergence of evaluated families. The REML/BLUP methodology was adopted, with the REML used for estimation of the genetic variance, and the BLUP for the estimation of genetic values of families and parents. The genetic divergence was obtained through cluster analysis, Tocher Method, and by the clustering by the nearest neighbor method. For this study, 80 full-sib families from RB03 series were used, originated from crosses made on Serra do Ouro Station, County of Murici, Alagoas, in 2003, together with four cultivated varieties. The experiment was installed in an experimental area, County of São Tomé, Paraná. The experimental design used was incomplete blocks, with five replications per family. Each replication was composed by five plants. For selection of superior families, the following characters were considered: stalk height (m), stem diameter (cm), number of stalks per clump, Brix % cane, mean mass of a stalk (kg), tons of canes per hectare (TCH), tons of Brix per hectare (TBH); and technological characters: pol % cane, recoverable total sugars - RTS, fiber % cane, and purity % cane. According to obtained results, the analyzed characters showed individual heritabilities (\hat{h}_a^2) from low to medium magnitudes, ranging from 0.009 to 0.45, while the heritabilities from family high (\hat{h}_{mf}^2) ranged from 0.72 to 0.87. Genetic variation between families were explained by additive and non additive genetic effects. For Brix % cane character, additive genetic effects was predominant. For fiber % cane, non additive effects were predominant. The genetic variance for the variables: stem diameter, stalk height, number of stalks per clump, mean mass of a stalk, TCH, TBH, pol % cane, RTS and purity % cane were explained both by additive and non additive effects. The five better families by TBH were 449, 1919, 5811, 6645, 1217 and 6114, with high Specific Combining Ability (SCA). The five better parents for this character were RB825336, SP80-1816, RB825548, RB855113 and RB845257. Divergence analysis showed that the best families were formed by divergent crosses with elevated SCA. The use of REML/BLUP method allowed the estimation of genetic parameters and to predict the genotypic values of families and the genetic values of parents, allowing the selection of the best families and parents.

Key-words: *Saccharum* spp, selection strategies, mixed models, selection parent, sugarcane breeding.

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, a cultura da cana-de-açúcar está instalada em uma área superior a seis milhões de hectares, produzindo mais de 527 milhões de toneladas de cana por safra, conforme dados 07/08, e que são destinados à fabricação de açúcar, álcool, aguardente e também para a alimentação de bovinos. No Estado do Paraná a cana-de-açúcar ocupa uma área próxima dos 545 mil hectares, divididos entre 27 unidades correspondentes a usinas e destilarias (CONAB, 2007; ALCOPAR, 2007).

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar têm buscado novos genótipos de maturação precoce e com elevado potencial em produtividade de açúcar, visando atender a crescente necessidade de se aumentar o tempo de safra, uma vez que o início da safra para o Estado do Paraná tem ocorrido no mês de março. Portanto a seleção de genótipos promissores para esta característica já nas primeiras fases de seleção pode contribuir para identificação de um número maior de genótipos com estas características.

Em cana-de-açúcar, a seleção é praticada em todas as fases do melhoramento genético, desde a escolha dos genitores, passando pela escolha dos cruzamentos, pela seleção na população de indivíduos oriundos dos cruzamentos realizados e nas etapas subseqüentes com a seleção clonal. Nas primeiras fases do melhoramento a precisão experimental é muito baixa não permitindo que a taxa de seleção seja reduzida. Nesta fase a seleção tende a ser baseada em caracteres indiretos de produção, quando a seleção individual é utilizada.

A seleção de famílias pode ser adotada quando os caracteres de seleção são de baixa herdabilidade, como a seleção para produtividade de cana e açúcar. Este procedimento consiste em selecionar as melhores e rejeitar as piores famílias, pois a seleção em famílias com valores genotípicos superiores tende a ser mais efetiva para indicar maior proporção de genótipos promissores. A identificação de famílias capazes de produzir genótipos superiores é altamente desejável para o desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar, especialmente quando se considera o período relativamente longo, para a sua liberação. Vantagem adicional com os estudos de famílias, refere-se a possibilidade de inferir sobre os valores genéticos dos genitores utilizados nos cruzamentos,

com base no desempenho de suas respectivas progênies. Com isso, os melhores genitores poderiam ser explorados em cruzamentos preferenciais.

Os esquemas de seleção de famílias conduzidos normalmente tendem a ter delineamentos muito desbalanceados, como as diferentes quantidades de indivíduos “seedlings” por família e os diferentes números de vezes que os genitores são utilizados nos cruzamentos. Devido a estas características, passou a ser recomendado o uso do procedimento BLUP (melhor predição linear não tendenciosa – best linear unbiased prediction), sendo descrito pela primeira vez por Stringer (2000). Resende (2004) relata que o procedimento ótimo de predição de valores genéticos e de estimação de componentes de variância é REML/BLUP. Sendo que REML permite estimar a variância genética e o BLUP estimar os valores genéticos das famílias e dos genitores utilizados nos cruzamentos, podendo ser utilizado em caso de dados desbalanceados.

Como o procedimento ótimo atual de estimação/predição no melhoramento de plantas é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não tendenciosa), e que tem fornecido bons resultados para diversas espécies perenes, então, se aplicado ao estudo de famílias de maturação precoces de cana-de-açúcar, por meio do programa computacional Selegen-REML/BLUP, poderá fornecer resultados importantes para direcionar a seleção entre e dentro de famílias e indicar genitores com elevados valores genéticos aditivos.

O objetivo geral deste trabalho foi selecionar famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar oriundas de cruzamentos biparentais via REML/BLUP. Os objetivos específicos foram: i) estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos das 80 famílias de irmãos germanos, da série RB03, via procedimento REML, identificando o tipo de ação gênica predominantes em caracteres de produção e caracteres tecnológicos; ii) prever os valores genotípicos das famílias e os valores genéticos aditivos dos genitores utilizados nos cruzamentos via procedimento BLUP, com base em caracteres de produção e caracteres tecnológicos, identificando as famílias com elevado potencial para o desenvolvimento de clones promissores e os melhores genitores a serem indicados em novos cruzamentos; iii) comparar a seleção individual e a seleção de famílias; iv) estimar a capacidade de combinação dos cruzamentos; e v) estimar a divergência genética entre as famílias avaliadas.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 CARACTERÍSTICA BOTÂNICA

A cana-de-açúcar é uma planta perene da família *Poaceae* e do gênero *Saccharum*, sendo que as variedades atualmente utilizadas em lavouras comerciais são provenientes de hibridações, cujas constituições genéticas participam a *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. sinense*, *S. barberi* e *S. robustum* (MATSUOKA, 1996; MATSUOKA et al., 2005). Matsuoka et al. (2005) relatam que o melhoramento genético em cana-de-açúcar tem sido realizado em uma base genética comum, obtida no início do século XX, através de intercruzamentos e retrocruzamentos com *S. officinarum*. Uma consequência foi o desenvolvimento de um número relativamente pequeno de genitores que foram usados para a geração das variedades modernas, quando comparado com o grande número de clones do gênero *Saccharum* existentes. Isto explicaria o fato da cana-de-açúcar possuir uma base genética estreita (ROACH, 1989).

É classificada como sendo um híbrido interespecífico poliplóide de *Saccharum* spp, sendo que o número de cromossomos frequentemente excede a 100 ($2n > 100$) (TOMKINS et al. 1999; GLAZ et al., 2002). Neste sentido, D'Hont et al. (1996) e Tomkins et al. (1999) relatam que a cana-de-açúcar possui um dos genomas mais complexos e que as cultivares utilizadas, provenientes de uma série de cruzamentos derivados de espécies domésticas de *S. officinarum* com outras espécies do gênero *Saccharum*, possui um genoma considerado amplo (~3000 Mbp) quando comparado com plantas modelos como a cultura do arroz (~430 Mbp).

É uma planta de reprodução sexuada, preferencialmente por alogamia e quando cultivada comercialmente é propagada assexuadamente por meio de propagação vegetativa (MATSUOKA et al., 1999). Possui metabolismo de carbono C_4 , apresentando alta capacidade fotossintética e com elevado desenvolvimento e crescimento em regiões com temperaturas elevadas (MACHADO et al., 1982; CAMARGO, 1996; LARCHER; 2000; TAIZ e ZEIGER, 2004).

2.2 OBJETIVOS DO MELHORAMENTO

O principal objetivo de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar é lançar novas cultivares que sejam mais rentáveis aos produtores, aumentando a produtividade e/ou reduzindo as perdas econômicas, por um intervalo de tempo maior. Sendo assim, a característica mais importante seria a elevada produção de açúcar por unidade de área, mensurado em Toneladas de Pol por Hectare (TPH). Os componentes envolvidos para a maximização desta característica são a Tonelada de Cana por Hectare (TCH) e o teor de açúcar da cana (PCC – pol por cento cana). Ambos são considerados de igual importância, sendo que para se estimar a tonelada de cana, devem ser considerados ainda os componentes de rendimento: número de colmos por hectare e massa de colmo, sendo este último composto por componentes secundários como diâmetro, estatura e densidade de colmos. Outras características de importância para um genótipo de cana-de-açúcar, refere-se à rápida brotação, vigorosa e prolongada soqueiras, a tolerância à seca e ao frio, o hábito de crescimento ereto e a ausência de florescimento e chochamento dos colmos, e com estabilidade e adaptabilidades aos diferentes ambientes de cultivo. Ter ainda, boa adaptabilidade para a colheita mecânica. Ser resistente e/ou tolerante às principais doenças e pragas que incidem sobre a cultura (BRESSIANI, 2001; MATSUOKA, 2005). Para a indústria caracteres como tipo e teor de fibra, a quantidade e a qualidade industrial do açúcar produzido e o teor de pureza, são características que inferem sobre a qualidade da produtividade final e conseqüentemente na importância econômica destas cultivares (FERNANDES, 2000).

Outra característica importante refere-se a produção de energia renovável a partir do bagaço da cana-de-açúcar. Atualmente as usinas utilizam a biomassa para co-geração de energia elétrica para a ela própria, gerando ainda uma produção de energia acima do utilizado. Portanto a geração de energia a partir da biomassa da cana-de-açúcar é algo importante para manter-se sustentável a produção de álcool. Uma premissa é que novos cultivares com elevada produção de biomassa possam ser desenvolvidas pelos programas de melhoramento genética da cultura, conforme relata Barbosa et al. (2004).

2.2.1 Correlação entre Caracteres de Seleção

Jackson (2005) ao descrever estratégias para o melhoramento genético da cana-de-açúcar, conduzido na Austrália, relatou que a seleção visando aumento de produtividade de colmo promoveu ganhos muito pequenos ou quase nulos para o conteúdo de açúcar. Isto

possivelmente indica que os ganhos obtidos atualmente, para conteúdo de açúcar, podem ter sido promovidos devido a seleção para produção de colmos por área. Corroborando neste entendimento, Cox et al. (1990) e Jackson (2005) relataram importância de compreender as correlações entre as variáveis de seleção, pois a seleção para uma característica poderá influenciar no resultado de outras, a exemplo da seleção para produção de colmo e conteúdo de açúcar.

A seleção para rendimento de colmo poderá resultar em ganhos negativos ou nulos para conteúdo de açúcar. A falta da correlação genética, negativa ou positiva, sugere que os genes que afetam estas variáveis são independentes ou os genes possuem ação por pleiotropia, entre conteúdo de açúcar e produção de colmos. É possível que o efeito dos genes em dividir fotoassimilados para um maior crescimento do colmo ou para um maior armazenamento, tenderia a contribuir para uma correlação genética negativa entre o crescimento (rendimento) e o armazenamento (conteúdo de açúcar) (JAKCSON, 2005).

Neste sentido, ao estudar as características ideais de crescimento de cultivares de cana-de-açúcar, Terauchi et al. (1999) e Terauchi e Matsuoka (2000) relatam que o rápido crescimento inicial, responsável por um rápido fechamento do dossel, é uma característica importante para uma cultivar, porém, com um número adequado de perfilhos por área, o que possibilitaria maior acúmulo de massa seca nos perfilhos formados, devido à diminuição da competição intraespecífica. O excesso de perfilhos na fase de grande perfilhamento pode ter correlação negativa com a produtividade, conforme observado em alguns trabalhos onde foi identificado esta correlação como sendo significativa, de média magnitude e negativa ($r=-0,65^*$) (OLIVEIRA et al., 2007). Portanto, cultivares que tendem a ter elevado perfilhamento na fase inicial teriam menores produtividades. Corroborando neste entendimento, Ramesh e Mahadevaswamy (2000) constataram que os cultivares que perfilham menos, além de apresentarem menores porcentagens de mortalidade dos perfilhos, tinha perfilhos com maior estatura, diâmetro de colmo e maior massa seca, possibilitando uma correlação positiva com os cultivares mais produtivos.

Barbosa et al. (2002) relatam que a variável estatura de colmos tem correlação positiva com a produtividade, sendo assim, genótipos com estatura de colmo maior teriam a tendência de maior produção de massa por colmo, proporcionando maior produtividade final. Outra variável importante, refere-se a área foliar e sua correlação com produtividade, sendo que Leme et al. (1984) relataram esta correlação, sendo verificado que para os cultivares que apresentaram os maiores índices de áreas foliares, teriam às maiores produções de massa de colmos e açúcar por hectare.

2.2.2 Parâmetros Genéticos

A estimação dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos têm fundamental importância no melhoramento genético, pois revela os efeitos envolvidos na obtenção de novas populações melhoradas. Por meio destes parâmetros é possível identificar a magnitude da variabilidade genética, os efeitos causados pelo ambiente, as herdabilidades dos caracteres estudados, ampla e restrita, a variância genética aditiva e de dominância e a variância genotípica, no caso de plantas propagadas assexuadamente. Permite ainda, estimar o efeito da interação em genótipos x ambientes, o tipo de manejo e a influência do tamanho amostral ou de parcelas (RESENDE, 2002b).

Os parâmetros genéticos essenciais para o melhoramento de caracteres quantitativos, estão relacionados à herdabilidade no sentido restrito (h_a^2), a herdabilidade no sentido amplo (h_g^2), a repetibilidade (r) e as correlações, sejam estas genéticas (r_a) ou fenotípicas (r) entre caracteres. A herdabilidade no sentido restrito refere-se ao coeficiente de determinação do valor genético aditivo pelo valor fenotípico e a herdabilidade no sentido amplo, corresponde ao coeficiente de determinação do valor genotípico pelo fenotípico. Portanto diz respeito sobre a proporção genética aditiva “sentido restrito” e a proporção genotípica “sentido amplo” relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres. Estes parâmetros indicam a possibilidade ou não de seleção para determinados caracteres. Sendo que, para os caracteres de baixa herdabilidade devem ser adotados métodos de seleção mais elaborados. A correlação genética entre caracteres indica o grau de associação destes caracteres, tendo importância no melhoramento, pois reflete o quanto que a seleção para um determinado caráter pode influenciar em outro (RESENDE, 2002b). Corroborando neste entendimento, Kimbeng e Cox (2003) relataram que ao adotar a seleção de famílias na Austrália, houve um ganho de 0,02 (2%) ao ano, para o caráter tonelada de cana por hectare (TCH), enquanto que para o caractere conteúdo de açúcar, houve um decréscimo de -0,002 (-0,2%) no mesmo período. De acordo com os autores, isto teria sido ocasionado devido a correlação negativa de baixa magnitude entre TCH e conteúdo de açúcar.

2.3 MELHORAMENTO DE PLANTAS DE PROPAGAÇÃO ASSEXUADA

As espécies vegetais consideradas perenes apresentam vários aspectos biológicos bastante peculiares, o que torna o melhoramento genético destas espécies diferente, quando comparada com espécies de ciclo anual. Dentre estes aspectos, citam-se o ciclo reprodutivo longo, a sobreposição de gerações, a reprodução sexuada e assexuada (RESENDE, 2002b).

Tal fato promove alguns reflexos no melhoramento genético destas espécies perenes como: a utilização dos indivíduos selecionados para produção durante vários anos, o que demanda muito rigor e precisão nos métodos de seleção; o uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo; a seleção envolvendo comparações de indivíduos de diferentes gerações e também em diferentes condições ambientais, sendo que devido a este fato, torna-se importante utilizar métodos de avaliação genética mais elaborados; seleção também para os efeitos genéticos não aditivos dos alelos, devido a propagação vegetativa dos indivíduos selecionados; relevância da unidade de seleção “indivíduo” em detrimento da unidade de seleção “média de grupos de indivíduos”, sendo que devido este fato torna-se necessário a predição de valores genéticos (aditivos e não aditivos) individuais para fins de seleção (RESENDE, 2002b).

A estratégia básica do melhoramento de espécies que são propagadas assexuadamente, a exemplo da cana-de-açúcar por ser propagada de forma vegetativa, baseia-se no cruzamento entre indivíduos superiores, que muitas vezes são cultivares que estão em uso comercial. Em suas respectivas progênes formadas, são selecionados novos indivíduos superiores, que são denominados como clones potenciais e que são avaliados em testes clonais. De forma geral, o melhoramento destas espécies pode ser resumido em três esquemas, conforme pode ser observado na Figura 1 (RESENDE e BARBOSA, 2005).

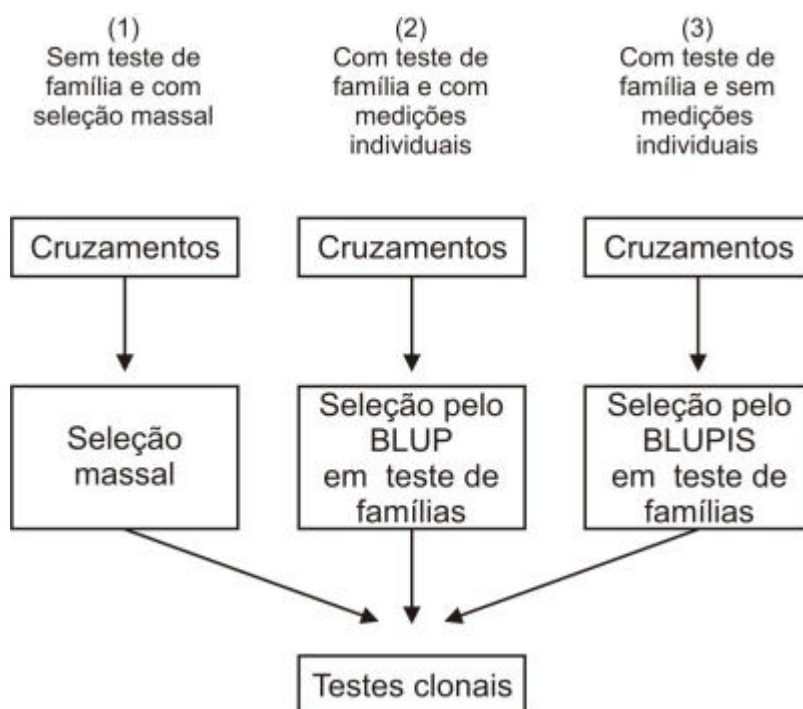


FIGURA 1 - Esquema básico para a geração de clones superiores em espécies de propagação vegetativa (RESENDE e BARBOSA, 2005).

O esquema (1) para a geração de clones superiores é realizado a partir de cruzamentos, sendo feita a seleção na progênie formada deste cruzamento. Esta seleção é feita de forma massal, sendo que os clones são posteriormente submetidos aos testes clonais. No esquema (2) de melhoramento, as progênies são avaliadas em experimentos com repetições, sendo que as medições são realizadas em nível de indivíduo, possibilitando a seleção de clones potenciais com base nos seus valores genotípicos, que podem ser preditos pelo procedimento BLUP individual. O esquema (3) também faz uso dos testes de famílias em experimentos com repetições, porém as medições não são realizadas em nível de indivíduos. Tal procedimento tem sido adotado para a cana-de-açúcar, onde as parcelas podem ser colhidas em sua totalidade. Posteriormente, é estimado o número de indivíduos que devem ser selecionados dentro de cada família e que podem ser submetidos a teste clonal. Este esquema faz uso do procedimento BLUP individual simulado proposto por Resende e Barbosa (2006).

No caso da cana-de-açúcar o principal esquema de seleção, refere-se a seleção recorrente intrapopulacional, embora não explicitamente. Neste esquema, os clones superiores selecionados ao final de melhoramento, que envolve o cruzamento entre genitores, seguido de seleção clonal, são novamente intercruzados para a geração de novas famílias híbridas para um novo ciclo seletivo, que culminará com a seleção de novos clones superiores. Como a cana-de-açúcar é uma planta semi-perene, há sobreposição de

gerações e os clones superiores de diferentes gerações são intercruzados e não apenas de um determinado ciclo seletivo (RESENDE e BARBOSA, 2005).

Entretanto, o melhoramento de plantas de propagação assexuada, como é o caso da cana-de-açúcar, pode ser praticado visando os seguintes objetivos: seleção de genitores para o cruzamento e recombinação em programas de seleção recorrente intrapopulacional e recíproca; seleção de clones a serem recomendados para plantios comerciais; seleção de clones potenciais nas progênes híbridas; seleção de famílias (ou cruzamentos) para direcionar a seleção de clones potenciais dentro das melhores e seleção de genitores potenciais a serem utilizados em programas de seleção recorrente intrapopulacional e recíprocas (RESENDE e BARBOSA, 2005). Visando atender esses objetivos, Resende e Barbosa (2005) relatam que o procedimento ótimo de seleção é o BLUP para efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g), dependendo de cada situação. Porém para aplicar o BLUP, são necessárias estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos, sendo que o procedimento ótimo de estimação desses componentes de variância é o de máxima verossimilhança restrita ou residual, denominado de REML. Portanto o procedimento ótimo de avaliação genética é o REML/BLUP, sendo que estes procedimentos de análise estão associados a um modelo linear misto (RESENDE, 2004).

2.4 ANÁLISE DE EXPERIMENTOS VIA MODELOS MISTOS

A metodologia dos modelos mistos foi derivada por Henderson (1949¹) para ser utilizado na avaliação genética de gado de leite, foi apresentado pela primeira vez em 1973 Henderson (1973²), passando a ser utilizada na prática a partir da década de 80, com avanços tecnológicos computacionais que permitiram seu uso, conforme descrito por Resende (2002b).

Os modelos mistos possuem efeitos fixos, além da média geral, e efeitos aleatórios, além do erro. Nos experimentos de campo, os efeitos dos tratamentos e os efeitos ambientais mensuráveis (efeitos de parcelas e efeitos de blocos) podem ser considerados como fixos ou aleatórios. Porém para ser um modelo misto um destes deve ser aleatório e o outro fixo. Exemplo de modelo misto seria com efeito aleatório dos tratamentos ou genótipos e fixo para o ambiente, sendo este, analisado pela metodologia REML/BLUP. Caso o

¹ HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, v.32, p.709, 1949.

² HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH. Champaign, 1973. Champaign : America Society of Animal Science, p.10-41, 1973.

modelo misto fosse com efeito aleatório para ambiente e fixo para tratamentos ou genótipos a metodologia a ser empregada seria pelo REML/GLS (RESENDE, 2004).

O efeito é tomado como aleatório se os níveis observados podem ser assumidos como uma amostra de uma determinada população, ou seja, uma amostra aleatória com uma assumida distribuição de probabilidade (distribuição normal) (RESENDE, 2002b). Um exemplo disto, citado por Duarte e Vencovsky (2001), refere-se aos experimentos de delineamento experimental em blocos, sendo os tratamentos, os genótipos a serem analisados, distribuídos em blocos completos ou incompletos. Neste modelo, o efeito do bloco (b) é assumido como fixo e o de tratamento (g) como aleatório. Isso caracteriza o que se conhece na literatura por um modelo misto, pois incorpora uma mistura de tipos de efeitos, fixos e aleatórios. Sendo assim, os tratamentos testados (genótipos) representam uma amostra de uma população de genótipos, cujas respostas são distribuídas normalmente, em torno de uma média comum ($\mu_p = m + \hat{b}$) e com variância s_g^2 . Portanto os genótipos são realizações de variáveis aleatórias não observáveis, as quais correspondem aos efeitos dos desvios genotípicos aleatórios em relação à média μ_p (SEARLE, 1987).

Os efeitos ambientais podem ser considerados fixos ou aleatórios no melhoramento genético, enquanto que os efeitos genéticos ou de tratamentos devem ser sempre considerados como de efeitos aleatórios. Com isso há a possibilidade de extrapolar os valores de uma amostra (variância e média) como sendo de toda uma população. Outras vantagens dos modelos mistos, refere-se a produção de predições mais acuradas principalmente quando existem dados perdidos (parcelas). Conduz as predições em direção a média geral, obtendo valores genéticos e não fenotípicos, resolvem o problema quando se tem dados desbalanceados, seja por número de repetições ou tratamentos, este, quando em experimentos de várias localidades, permitindo assim, lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos). Sendo ainda que, adotando-se a metodologia BLUP, possibilita-se a maximização da acurácia seletiva, minimizando o erro de predição. Neste caso ainda, haveria maximização da probabilidade em selecionar o melhor entre dois indivíduos e maximização da probabilidade de selecionar o melhor indivíduo entre vários (RESENDE, 2002; 2004).

Ao considerar o modelo como aleatório as informações geradas podem ser extrapoladas, com isso genótipos selecionados em poucos ambientes poderiam ser recomendados para novos ambientes. Informações de um conjunto de indivíduos representaria toda a variabilidade existente em uma determinada população, possibilitando alcançar os mesmos indivíduos extremos desta população e conseqüentemente, selecionar genótipos superiores em relação a média da população e com maior probabilidade de estar

entre os melhores indivíduos, considerando o mesmo caráter em questão (RESENDE e BARBOSA, 2006).

Duarte e Vencovsky (2001) relatam que em processos de seleção de tratamentos, entendem-se aqui como genótipos, entre os ordenamentos de médias produzidas pela abordagem dos modelos mistos e por uma análise convencional intrabloco, resultaria em diferentes ordenamentos. Principalmente, quando os experimentos tendem a ser desbalanceados e não ortogonais. Estes autores relatam que, quanto maior a amplitude de desbalanceamento maior será a probabilidade destas duas metodologias se diferirem. Outra vantagem citados pelos autores, refere-se a maior probabilidade de se encontrar os indivíduos transgressivos dentro da população a ser selecionada, via procedimento de análise que utilize os modelos mistos.

Na prática, no processo de seleção realizado o melhorista pode atuar em duas etapas básicas. A primeira corresponde à predição do valor genético dos indivíduos candidatos à seleção, e a segunda corresponde a melhor forma de utilização dos indivíduos com maiores valores genéticos preditos (RESENDE, 2002b).

2.4.1 Análise via REML/BLUP

A predição de valores genéticos exige a prévia estimação dos componentes de variância e de parâmetros genéticos. De maneira genérica, a predição pode ser efetuada por três procedimentos e situações distintas: O (1) procedimento refere-se a Melhor Predição – BP (“Best Prediction”) – considerando iguais quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, onde as médias e variâncias são conhecidas ou estimadas com exatidão; o (2) refere-se a Melhor Predição Linear - BLP (“Best Linear Prediction”) – com diferentes quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, com médias e variâncias conhecidas ou estimadas com precisão; e o (3) corresponde a Melhor Predição Linear Não-Tendenciosa - BLUP (“Best Linear Unbiased Prediction”) - diferentes quantidades e precisões das informações associadas aos candidatos à seleção, sendo a variância conhecida ou estimada com precisão e a média não conhecida. Desta forma, primeiro procedimento “método BP” utiliza os mesmos pesos (ponderadores das informações fenotípicas) para todos os indivíduos candidatos à seleção, ao passo que os métodos BLP e BLUP implicam na utilização de diferentes pesos para os candidatos à seleção. Dentre esses procedimentos, o BLUP é o mais completo e conduz à maximização do ganho genético, por

ciclo de seleção (RESENDE, 1997a³ e 1997b⁴), citado por Pinto-Jr (2004). O método BP é bom apenas na para a primeira situação, conforme descrito anteriormente. O BLP é adequado para o procedimento (1) e (2), sendo que para o (3) procedimento exige preditores BLUP mais complexos, que são ótimos em qualquer situação. A vantagem do procedimento BLUP sobre o BLP, no (3) procedimento refere-se a estimação mais precisa dos efeitos fixos do modelo linear misto, a qual é realizada pelo método dos mínimos quadrados generalizados e não pelo método dos mínimos quadrados ordinários, como ocorre no procedimento BLP (RESENDE et al., 1996b).

Os procedimentos ótimos de predição de valores genéticos e seleção no melhoramento genético de espécies perenes podem ser resumidos em dois, sendo o primeiro para índice usando todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico para o caso balanceado, e o segundo refere-se ao BLUP individual para os casos balanceados e desbalanceados (RESENDE, 2002b).

O procedimento de predição foi denominado BLUP por Henderson (1973) e citado por Resende (2002b), para designar “melhor predição linear não viciada” de variáveis aleatórias. Tal procedimento ajusta os dados para os efeitos ambientais indetectáveis (tais como os efeitos de bloco, do ano de medição, do local de plantio, dentre outros) e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos candidatos a seleção (RESENDE, 2002b).

O problema central no melhoramento genético é a predição de valores genéticos dos vários candidatos a seleção. Entretanto, esta predição precisa de componentes de variância conhecidos ou estimados com precisão. O procedimento ótimo de predição de valores genéticos é o BLUP e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância é o REML. Estes modelos estão associados a um modelo linear misto, portanto, modelo contendo efeitos fixos além da média geral e aleatórios além do erro (RESENDE, 2004).

O método REML permite produzir estimativas ou predições mais acuradas de efeitos de tratamentos quando existem dados perdidos nos experimentos. As predições dos efeitos aleatórios são forçadas (efeito shrinkage) em direção a média geral, penalizando estimativas baseadas em pequenas amostras. Permitem o ajuste de diferentes variâncias de cada grupo de tratamento, ou seja, permite considerar variâncias heterogêneas, resolvem o problema de estimação quando se tem dados perdidos, a modelagem da estrutura de correlação em experimentos com dependência espacial, medidas repetidas e em múltiplos experimentos.

³ RESENDE, M. D. V. de. Avanços da biométrica florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 1997, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, p.20-46, 1997a.

⁴ RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento genético de essências florestais. In: SANTOS, J. B. **Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas**. Universidade Federal de Lavras, p. 59-93, 1997b.

Conduz a estimativas mais precisas e os resultados são mais apropriados pra inferência requerida quando a estrutura dos dados é hierárquica ou em multi-níveis. Como desvantagem cita-se apenas o maior número de suposições distribucionais que são feitas (RESENDE, 2004).

Corroborando neste entendimento, Resende (2002b) descreve a importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo REML, nos modelos mistos, por ser uma metodologia que permite gerar estimativas não tendenciosas dos parâmetros. Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações. Isso faz da avaliação genética (predição de valores genéticos) pelos modelos mistos, seja um instrumento mais eficaz que o da avaliação partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados, conforme descrito por Kennedy e Sorensen (1988), na seleção de genitores, famílias e clones, pelo uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliadas no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (RESENDE, 1999).

De maneira genérica, o procedimento ótimo de estimação/predição no melhoramento de espécies perenes é o REML/BLUP, sendo que para o caso de dados balanceados, a estimação de componentes de variância pelo método de quadrados mínimos (análise de variância) equivale à estimação por REML (RESENDE et al., 1996c), e a predição de valores genéticos pelo método do índice multi-efeitos, equivale ao BLUP individual (RESENDE e HIGA, 1994; RESENDE e FERNANDES, 1999). Portanto, os procedimentos ótimos de estimação/predição podem ser resumidos em dois: análise de variância/índice multiefeitos para o caso balanceado; e REML/BLUP para os casos balanceado e desbalanceado, respectivamente. No caso de dados balanceados, os dois procedimentos conduzem a resultados idênticos; em casos com pequeno desbalanceamento, os dois procedimentos conduzem a resultados similares e, na presença de grande desbalanceamento, o procedimento REML/BLUP é muito superior a análise de variância/índice multiefeitos, sendo utilizado no contexto do melhoramento florestal.

Na prática, as vantagens da utilização do procedimento REML/BLUP são: permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaços (locais e blocos), permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos), pode ser aplicados a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. No caso de dados desbalanceados, se for comparado com os resultados obtidos pela ANOVA, verifica-se que

as estimativas tendem a ser imprecisas de componentes de variância e como consequência deste fato, a inacuradas predições de valores genéticos (RESENDE, 2004).

Atualmente a metodologia dos modelos mistos pode ser utilizada por meio de programas estatísticos-computacionais como o SAS[®] - Statistical Analysis System (SAS INSTITUTE, 1997) e o ASREML. Estes programas permitem o ajuste de um número infinito de modelos, inclusive os mais complexos. Porém o programa SAS[®] apresenta a limitação para lidar com matriz de parentesco e prever valores genéticos em nível de indivíduos (DUARTE e VENCOVSKY, 2001; RESENDE, 2007a).

Outro software é o Selegen-REML/BLUP (Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos) que atende às exigências de experimento balanceado e não balanceado. Se adotados modelos em nível individual, o programa computacional fornece: (i) valores genéticos aditivos preditos; (ii) valores genotípicos preditos; (iii) estimativas de componentes de variância; (iv) ordenamento dos candidatos à seleção, segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; (v) estimativas de ganhos genéticos; (vi) estimativas do tamanho efetivo populacional; (vii) estimativas da interação genótipo x ambiente; e (viii) estimativas do valor genético de cruzamentos. Abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso e látice, os delineamentos de cruzamento para polinização aberta e controlada (progênies de meios irmãos e irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos não balanceados, híbridos), bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas (RESENDE, 2002b; 2007a). O programa emprega modelos, estimadores e preditores descrito acima, conforme Resende (2002a; 2002b), podendo ser aplicado às plantas alógamas, autógamias e com sistema reprodutivo misto. É direcionado às espécies perenes e semiperenes, podendo também ser aplicado às espécies anuais. Atualmente o programa Selegen REML/BLUP engloba mais de 150 modelos de análises destinados a seleção genética no contexto do melhoramento de plantas (RESENDE, 2007a). Tem sido utilizado para o melhoramento de espécies florestais, como a acácia-negra (MARTINEZ, 2006), o pinus (PALUDZYSZYN-FILHO et al., 2002; PINTO-JR, 2004), a erva-mate (RESENDE et al., 2000), a seringueira (RESENDE et al., 1996a; KALIL et al., 2000), de espécies frutíferas como a pupunheira (FARIAS NETO e RESENDE, 2001), o cacau (RESENDE e DIAS, 2000), a aceroleira (PAIVA et al., 2002), o umbuzeiro (OLIVEIRA et al., 2004), o cupuaçu (SOUZA et al., 2002), o cafeeiro (RESENDE et al., 2001) e de espécies energéticas com é o caso da cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2004; 2005; RESENDE e BARBOSA, 2005; OLIVEIRA et al., 2005)

2.5 SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

O termo seleção, descrito por Resende (2002b), pode ser definido como a reprodução diferencial de diferentes genótipos na natureza ou sob a intervenção do homem. Sendo que a seleção natural ocorre independentemente das ações humanas e se realiza por meio de diferenças em fertilidade e sobrevivência das progênes dos diferentes indivíduos. Enquanto que a seleção artificial é praticada pelo homem e é baseada em critérios definidos pelos melhoristas, sendo o fator primordial para o melhoramento genético. Este processo de seleção promove alterações nas frequências alélicas nos locos que controlam o caráter sob processo de seleção, e que normalmente procura atender os principais objetivos do melhoramento genético. Neste caso, há então a alteração na média genotípica da população, na direção desejada.

Em cana-de-açúcar, a seleção é praticada em todas as fases do melhoramento genético, desde a escolha dos genitores, passando pela escolha dos cruzamentos, pela seleção na população de indivíduos oriundos dos cruzamentos realizados e nas etapas subseqüentes com a seleção clonal. Nas primeiras fases do melhoramento a precisão experimental é muito baixa não permitindo que a taxa de seleção seja reduzida (SOUZA, 1989; CALIJA et al., 2001).

Na Figura 2 estão apresentados as diferentes etapas de um programa de melhoramento genético em cana-de-açúcar. Nota-se que de forma geral a etapa inicial (T1), após as hibridações, é caracterizada por um grande número de genótipos avaliados, que se não se encontram repetidos e em apenas um ambiente. Na fase seguinte (T2), o número de genótipos “clones” diminui e aumenta o tamanho das parcelas experimentais. Nas etapas seguintes os números das parcelas por clone aumentam, assim como o número de repetições e o número de locais, até chegar a fase final experimentação (FE), onde os genótipos são avaliados em parcelas maiores, com três repetições, em vários ambientes de produção e em número suficiente de safras de produção para identificar o verdadeiro valor genotípico dos clones (FERREIRA et al., 2005) . Verifica-se que o número de genótipos avaliados em cada fase diminui consideravelmente a cada fase de seleção até chegar a liberar as novas cultivares. Considerando todo este processo de melhoramento genético para a cultura da cana-de-açúcar, tem-se em torno de 13 a 15 anos para a liberação de um novo genótipo “variedade comercial” (BRESSIANI, 2001; MATSUOKA et al., 2005).

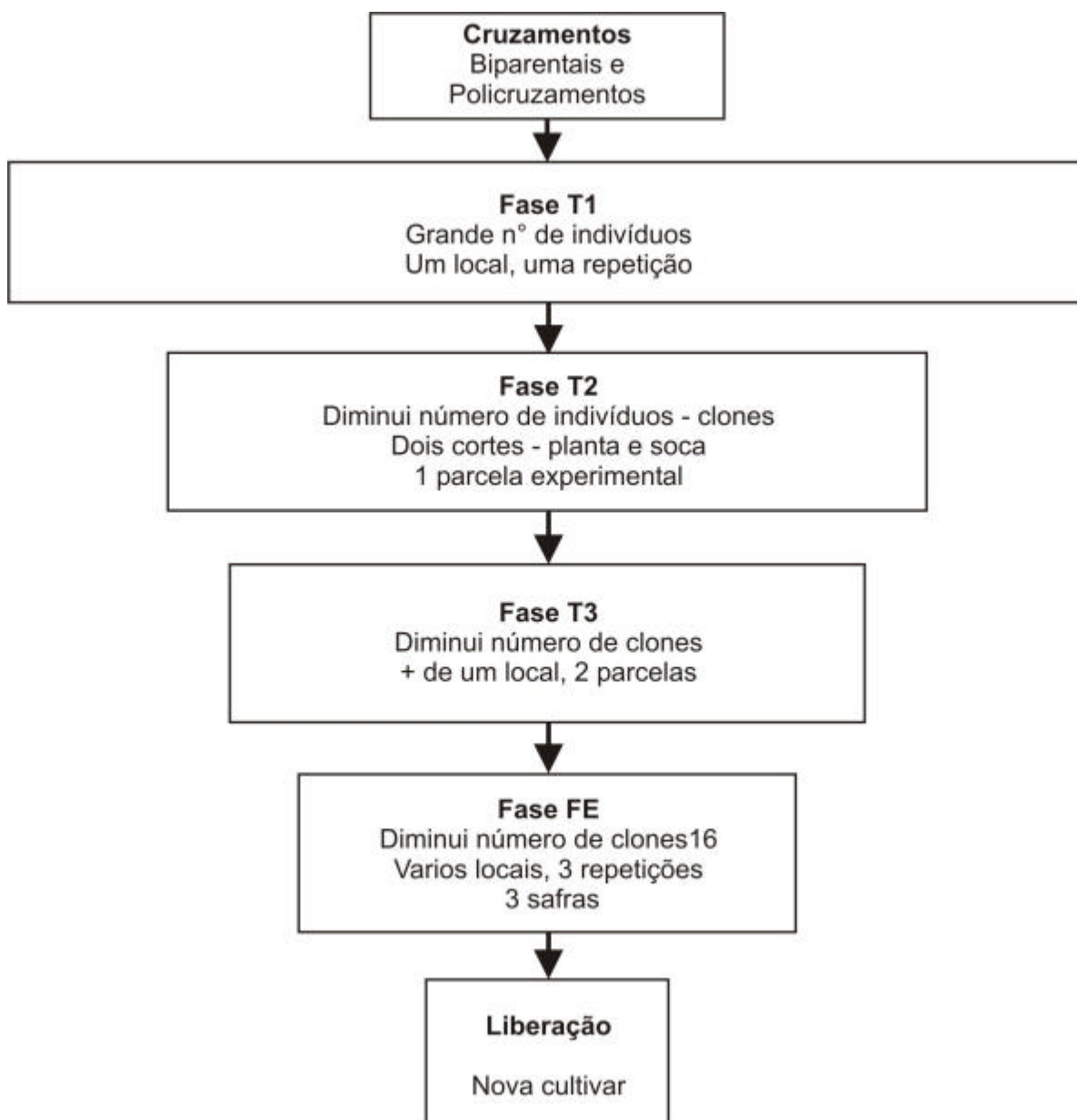


FIGURA 2 - Esquema básico mostrando as etapas da seleção em um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar. (Adaptado de BRESSIANI, 2001; MATSUOKA et al., 2005).

2.5.1 Seleção Individual em Cana-de-Açúcar

Na seleção massal ou também denominada seleção individual, as plantas são selecionadas com base em seus valores fenotípicos, pois, nesta fase não há repetição dos genótipos avaliados. É considerado um método que possibilita uma reposta rápida, principalmente em populações com variabilidade genética (FALCONER e MACKAY, 1996).

Na seleção massal cada genótipo encontra-se repetido uma só vez e em um único ambiente. Sendo assim, a avaliação é visual e com base em características indiretas de produção, ou seja, caracteres secundários que estão correlacionados com a produção final em tonelada de pol por hectare (TPH). É o caso dos caracteres estatura de plantas, diâmetro de colmos, número de perfilhos e o Brix (%) cana (teor de sólidos solúveis no caldo da cana) (MATSUOKA, 2005).

Portanto, para selecionar um indivíduo superior para produtividade de açúcar por hectare, há a necessidade de considerar características secundárias para selecionar o caráter principal, sendo ainda, que estas características possuem baixa herdabilidade (SKINNER, 1982; KIMBENG e COX, 2003).

Ao estudar a seleção seqüencial em cana-de-açúcar, Bressiani (2001) relata que a avaliação visual na fase T1 "seedlings"⁵ realizada para caracteres secundários e que estão correlacionados com a produção final, deveria ser considerada como um método para eliminar os indivíduos que fossem realmente desfavoráveis. Desta forma, espera-se que a seleção seja eficiente, mesmo para os caracteres de baixa herdabilidade, para a população como um todo.

Como este procedimento de seleção é realizado em plantas individuais, a eficiência tende a ser restrita devido a baixa herdabilidade dos caracteres de seleção (SKINNER, 1982). Portanto, a eficiência do melhoramento de uma espécie vegetal irá depender da quantidade de variabilidade existente na população base a ser explorada, da herdabilidade do caráter a ser melhorado e da extensão do ganho genético deste caráter selecionado (BRESSIANI, 2001). Skinner et al. (1987) citam que nesta fase a seleção deveria basear-se em características de alta herdabilidade, como Brix (%) cana e resistência ao carvão e à ferrugem.

2.5.2 Seleção de Famílias em Cana-de-Açúcar

Hogarth (1971b) iniciou os primeiros estudos de famílias na década de setenta, porém houve grande dificuldade, devido ao intenso trabalho pessoal para levantamentos dos resultados experimentais das famílias, aliado ao alto custo do processo de avaliação

⁵ "seedlings", botanicamente é definido como as plântulas formadas a partir das sementes até o período antecedente a formação da terceira folha. É considerado nos centros de melhoramento da cana-de-açúcar, também como os indivíduos em desenvolvimento no campo originários desta plântula. Por isso, a planta avaliada na primeira etapa de seleção é também denominada de "seedling".

experimental, o que tornava proibitivo este estudo. Alternativas, com o desenvolvimento de colhedoras mecanizadas na Austrália, tornaram possível investigar as vantagens da seleção de famílias devido a elaboração de experimentos mais detalhados, possibilitando o aumento da eficiência deste processo. Os resultados revelaram que o estudo de seleção de famílias pode contribuir para a seleção de parentais e de cruzamentos que visem a obtenção de populações melhoradas (HOGARTH, 1971b; KIMBENG et al., 2001b).

A estratégia de seleção de famílias pode ser adotada quando os caracteres sob seleção são de baixa herdabilidade, pois nestes casos os maiores desvios são decorrentes dos efeitos ambientais, sendo que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tende a se anular, com isso, a média fenotípica da família será mais próxima da média genotípica. Nesta seleção, as informações individuais irão determinar a médias das famílias. A seleção torna-se mais efetiva, pois os caracteres de baixa herdabilidade, quando analisados em estudos de famílias, verifica-se que elevada proporção da variação fenotípica entre famílias podem ser explicados devidos a fatores genéticos (BRESSIANI, 2001).

A seleção de famílias consiste em escolher todas as melhores e rejeitar as piores, que teriam valores genéticos baixos. Estudos mostrando o potencial de famílias com valores genotípicos superiores quando comparados com famílias de valores inferiores, evidenciam que a seleção com base nas melhores famílias é efetiva para identificar quais famílias teriam maior proporção de clones elites (KIMBENG et al., 2001a). Portanto, realizar a seleção de famílias, tendo o objetivo a seleção de clones superiores “seleção individual de clones elites” em famílias superiores é possível, pois a probabilidade de se encontrar clones elites em fases avançadas de seleção do programa de melhoramento tenderá a ser maior com estas famílias melhoradas (KIMBENG e COX, 2003). Entretanto, explorar comercialmente um clone tem mais importância que uma população geneticamente melhorada. Porém, ainda é importante considerar que nesta população melhorada a frequência de clones elites tende a ser maior (JACKSON e McRAE, 1998).

Neste sentido, Kimbeng e Cox (2003) relatam que a adoção da seleção de família tem efeitos positivos para um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar, pois gera informações importantes para se determinar o valor genotípico dos cruzamentos identificando genótipos e clones elites potenciais para novos cruzamentos.

Skinner et al. (1987) relatam ainda, que o estudo de famílias pode contribuir para prever cruzamentos superiores, podendo ser concentrado esforços nos cruzamentos mais promissores, que poderão aumentar substancialmente as chances de selecionar clones elites.

Cox e Hogart (1993) relatam que em cana-de-açúcar, o esquema de seleção entre e dentro famílias tende a ser mais eficiente que somente o método de seleção de famílias. Desta forma as famílias seriam previamente analisadas em ciclo de cana-planta, sendo realizado posteriormente a seleção massal dentro das famílias promissoras, ou seja, aquelas com elevados valores genotípicos e acima da média experimental. Esta seleção seria realizada no segundo ciclo de desenvolvimento cana-de-açúcar, se baseando em caracteres de alta herdabilidade e caracteres morfológicos.

Quando aliada a seleção individual de clones (seleção massal), a seleção de famílias pode proporcionar maior eficiência, conforme relatado por Kimbeng e Cox (2003). Estudos têm evidenciado que a seleção individual de clones em ciclo de cana-soca tem maior eficiência, quando é realizada dentro de famílias elites. Sendo estas, previamente selecionadas em ciclo de anterior, cana-planta, com base em características quantitativas de produção, como tonelada de cana por hectare e tonelada de açúcar por hectare. Já na avaliação em ciclo de cana-soca, as características mais efetivas de seleção são as visuais, o teor de açúcar nos clones “Brix (%) cana” e as demais características que compõem o rendimento. Neste sentido, diversos autores relatam a superioridade efetiva em combinar a seleção de famílias e com a seleção individual (JACKSON e MCRAE, 1998; KIMBENG et al., 2000; KIMBENG e COX, 2003).

Os experimentos de seleção de famílias nas fases iniciais, também podem ser estendidos para diversos ambientes e também ao longo dos anos. Com isso, há a possibilidade de se quantificar o efeito do ambiente e da safra, possibilitando a identificação de famílias estáveis e compreender a influência do ambiente/safra sob o processo de seleção. Importante considerar ainda, que na seleção de famílias combinada ou não com a seleção individual, tende a ter menor eficiência quando houver pequena variância genotípica entre as famílias e uma alta correlação genética entre o caráter selecionado e a produção de campo (JACKSON et al., 1995).

A avaliação de famílias permite estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos, prever os valores genéticos em cruzamentos, as relações entre os caracteres em estudo, permitindo ainda, avaliar a eficiência dos métodos de seleção e estimar os progressos genéticos proporcionados pela seleção. Processos como estes podem contribuir para a evolução de um programa de melhoramento, pois possibilitaria maior entendimento e melhor exploração da variabilidade genética presente em progênies originadas de cruzamentos entre genitores conhecidos. Outro ponto importante refere-se ao conhecimento do valor genético dos genitores utilizados nos cruzamentos. Isto indicaria a melhor metodologia de hibridação entre genitores, ou seja, policruzamentos ou cruzamentos simples “biparentais”

(SILVA et al., 2002). A seleção de genótipos para o uso como parentais, aliado a escolha dos cruzamentos, torna-se uma decisão crítica dentro de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar (KIMBENG e COX, 2003).

Vantagem adicional com os estudos de famílias refere-se à viabilidade de inferir sobre os valores genéticos dos parentais baseados na performance de suas progênies (COX e STRINGER, 1998). Foi a partir de estudos de famílias realizados na Austrália no início da década de 70, que houve contribuição para estudos e seleção de parentais e cruzamentos potenciais para se chegar a populações de cana-de-açúcar melhoradas (KIMBENG e COX, 2003). Os melhores genitores seriam explorados em cruzamentos preferenciais. Aliado a isto, a seleção de clones elites poderiam indicar os novos genótipos a serem utilizados diretamente nas etapas de cruzamento.

Nos esquemas de melhoramento genético da cana-de-açúcar utilizados na Austrália são empregados delineamentos de cruzamentos muito desbalanceados devido ao florescimento esparso e à baixa fertilidade do pólen. Outro fator refere-se à representação das famílias em termos de número de indivíduos “seedlings”, por ser muito desbalanceada ao longo dos blocos, locais e anos. Devido estes pontos, a partir de 1996 o procedimento BLUP passou a ser utilizado como técnica rotineira no melhoramento genético da cana-de-açúcar, revelando em anos seguintes à capacidade de reconhecimento precoce de genitores superiores (STRINGER et al., 1996; STRINGER, 2000)

2.5.3 Seleção de Famílias via REML/BLUP

Barbosa et al. (2005) estudando a seleção de famílias de cana-de-açúcar pela metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, estimaram os parâmetros genotípicos da população em estudo e predisseram os valores genotípicos das famílias e os valores genéticos dos genitores utilizados nas hibridações. Os referidos autores apontaram vantagens em utilizar a seleção de famílias via procedimento REML/BLUP, pois permitiu identificar famílias superiores que poderiam ser utilizadas para a produção de maior quantidade de sementes. Estas sementes seriam utilizadas para implantação de um novo campo de T1, contendo apenas famílias de elevado valor genotípico, com posterior seleção de clones dentro destas famílias promissoras. Os autores relatam que é altamente desejável ter um número expressivo de genótipos provenientes de cruzamentos de elevados valores genotípicos, o que permitiria aumentar a probabilidade de seleção de clones dentro destas

famílias. Nesta etapa, este processo de seleção de indivíduos pode ser baseado em caracteres visuais de seleção que envolveria uma série de características morfológicas.

Barbosa et al. (2005) evidenciaram que alguns genitores tiveram maior importância nos cruzamentos realizados, mostrando que os melhores genitores podem ser combinados com outros genitores visando a identificação de cruzamentos com alto valor genotípico e elevada capacidade específica de combinação (CEC) entre os genótipos. Barbosa et al. (2004) ao direcionar a seleção para obter famílias especializadas na produção de biomassa via procedimento REML/BLUP, identificaram genitores com elevado efeito genético aditivo para produção de colmo por hectare (TCH).

2.5.4 Seleção via BLUP Individual Simulado - BLUPIS

A seleção de clones via procedimento BLUP, é um procedimento ideal de seleção de indivíduos a serem clonados, sendo considerado simultaneamente as informações do indivíduo, da família, do delineamento experimental utilizado e parentesco entre famílias e genitores. Porém, para espécies em que há a colheita total da parcela, não sendo considerado as informações dos indivíduos, tal procedimento não pode ser adotado. (RESENDE, 2004; RESENDE e BARBOSA, 2005). Em cana-de-açúcar a seleção de famílias na fase inicial do melhoramento, normalmente é realizada considerando informações totais das parcelas, pois as mesmas são colhidas totalmente. Com isso, não há a possibilidade de obter informações dos indivíduos dentro das parcelas experimentais. Para contornar esta situação Resende e Barbosa (2006) propuseram a seleção via BLUP individual simulado (BLUPIS), que se baseia nos efeitos genotípicos das famílias avaliadas a campo. O BLUPIS é um melhoramento de seleção seqüencial em cana-de-açúcar, o qual está sendo amplamente utilizado na Austrália, Brasil, Estados Unidos e Argentina (BRESSIANI, 2001; KIMBENG e COX, 2003; RESENDE, 2004).

Este método de seleção de famílias possibilita determinar o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família avaliada, o número total de clones a ser avançado e o número de famílias que contribuirá com os indivíduos a serem selecionados. O método pode ser adotado à avaliação de famílias de irmãos germanos simples ou obtidas de cruzamentos dialélicos desbalanceados ou balanceados, famílias de meios-irmãos e famílias de auto-fecundação (RESENDE e BARBOSA, 2005).

Pelo procedimento BLUPIS determina-se de forma dinâmica o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família, sendo dado por: $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) n_j$, onde

n_k corresponde ao número de indivíduos a serem selecionados em cada família k , \hat{g}_j refere-se ao valor genotípico da melhor família e n_j corresponde ao número de indivíduos selecionados na melhor família. A determinação de n_j envolve o conceito de tamanho efetivo populacional (RESENDE e BARBOSA, 2006).

O tamanho efetivo populacional vem a ser importante para a seleção de clones, pois permite determinar o tamanho das famílias a serem conduzidas na experimentação, adequados para a seleção de clones superiores dentro destas e permite ainda, determinar o número de clones potenciais a serem selecionados dentro das famílias testadas, por procedimento denominado BLUPIS (RESENDE e BARBOSA, 2005; 2006).

A questão do tamanho da família adequado para a seleção de clones superiores foi apresentado por Resende e Barbosa (2005), em melhoramento genético de plantas com propagação assexuada. Para famílias de irmãos germanos, o tamanho efetivo de uma família é dado por $N_{ef} = (2n)/(n+1)$, onde n refere-se ao número de indivíduos por família. Estes autores apresentaram diversos valores de n , relatando que com número de indivíduos igual a 100, atinge-se 99% da representatividade máxima da família. Isso permite constatar que, o aumento do número de indivíduos amostrados dentro das famílias acima de cem ($n > 100$), quase nada contribui para acrescentar indivíduos diferentes na amostra. Com isso, ao aumentar o número de indivíduos acima de 100, provavelmente serão acrescentados em sua maioria indivíduos médios e poucos indivíduos extremos, sendo estes os indivíduos possíveis de serem superiores. Sendo assim, acredita-se que 100 indivíduos por famílias de irmãos germanos seja um tamanho adequado para conter os indivíduos superiores da família, os quais serão então identificados e submetidos a teste clonal em conjunto com indivíduos superiores de outras famílias, visando a seleção dos melhores em geral.

Resende e Barbosa (2005) relatam ainda que, com 50 indivíduos e cada família se conseguiria níveis próximos de 98% da representatividade máxima da família. Pois, aumentar a amostragem dentro das famílias acima de 50 indivíduos, possibilita pouca contribuição para adicionar indivíduos mais diferentes nas amostras, sendo adicionados mais indivíduos médios e poucos indivíduos extremos. Sendo assim, acredita-se que 50 indivíduos a serem selecionados dentro da melhor família, sejam suficientes para conter o melhor indivíduo da progênie para o caráter produtividade, o qual poderá ser identificado posteriormente por meio de teste clonal.

O método BLUPIS elimina automaticamente as famílias com efeito genotípico negativo, por estarem abaixo da média geral do experimento, pois nestas famílias haveria uma baixíssima probabilidade de se obter um clone superior. Na prática os referidos

indivíduos indicados para a seleção pelo método BLUPIS, poderão ser utilizados para a seleção ser realizada na segunda soca do próprio experimento de famílias, no campo de T1 compostos por seedlings plantados de forma massal sem utilizar nenhum delineamento experimental, ou então, por meio de novo plantio das famílias selecionadas, com posterior seleção dentro destas (RESENDE e BARBOSA, 2005; 2006).

Resende e Barbosa (2005) relatam que com a utilização desta metodologia, um menor número de melhores clones é avançado, permitindo assim, aumentar a eficiência do processo seletivo e diminuindo custo no programa de melhoramento. Pois, ao adotar a seleção massal, torna-se necessário avançar um número maior de clones, visando incluir na seleção clones realmente superiores, que serão posteriormente identificados nos testes clonais.

2.5.5 Seleção de Genitores

O melhoramento genético da cultura da cana-de-açúcar envolve uma seqüência de várias fases e se completa com aproximadamente 12 a 15 anos. Sendo que, na primeira fase e em apenas nesta fase, que ocorre depois da hibridação, que são plantadas as sementes verdadeiras, originando os seedings “plântulas originadas a partir de sementes botânicas”. Nas fases subseqüentes são plantados por meio de propagação vegetativa, sendo progressivamente menor o número de clones avaliados em fases mais avançadas. Portanto, durante 12 a 15 anos, não existe a oportunidade para recombinação sexual e com isso, a geração de nova variabilidade genética que poderia ser explorada. Portanto, o melhoramento em cana-de-açúcar tem apenas a fase após a hibridação para explorar a variabilidade genética (SKINNER et al., 1987; KIMBENG e COX, 2003).

Os genitores utilizados nos cruzamentos são cultivares ou clones nacionais ou introduzidos de outros países, sendo que normalmente são utilizados clones e cultivares desenvolvidos no País ou região, por apresentarem elevado nível de produtividade, além de associarem outras importantes características agroindustriais. Mesmo utilizando este critério, verifica-se que o número de combinações possíveis de serem realizadas, durante a campanha de cruzamentos, é elevado. Para aumentar a eficiência do melhoramento genético em cana-de-açúcar, uma nova etapa tem sido incorporada às fases iniciais dos mesmos. Esta etapa consiste em identificar cruzamentos superiores, que serão utilizados para formar a população-base sobre a qual se fará a seleção. Assim, as chances de selecionar genótipos superiores, que se transformarão em variedades bem sucedidas

futuramente, são maiores. Outra grande vantagem atribuída a esta metodologia é a possibilidade de descarte de genótipos indesejáveis, nas fases iniciais do programa, reduzindo os custos, espaço e tempo. Esta predição do cruzamento promissor envolve a hibridação dos pais escolhidos e a avaliação de suas respectivas progênes resultantes de cada cruzamento, para que se possam estimar os parâmetros que formarão a base da predição (BASTOS, 2001).

A predição dos valores genéticos aditivos têm fundamental importância quando se tem uma população oriunda de cruzamentos sexuais. Para a cana-de-açúcar, a predição do valor genético aditivo pode ser realizada na primeira fase do melhoramento, quando são plantados os seedlings “plântulas originadas de sementes botânicas”. O valor genético aditivo indica o potencial dos genitores utilizados nos cruzamentos. Com isso genótipos com elevados valores genéticos aditivos podem ser prontamente utilizados como parentais em futuros cruzamentos, tendo como objetivo o de melhorar as populações obtidas nos respectivos cruzamentos. Esta estratégia pode proporcionar maior probabilidade de encontrar clones elites dentro das famílias originadas de genitores de elevado valor genético aditivo (RESENDE, 2002b; BARBOSA et al., 2004).

Kimbeng e Cox (2003) ao relatarem perspectivas para a seleção de genitores e novos cruzamentos, indicaram que a seleção de genitores com elevado potencial para produção de açúcar deve ser eficaz em produzir progênes com estas características, mais do que para a seleção de genitores promissores para em rendimento de colmo por hectare. Os estudos descreveram que o conteúdo de açúcar, e as respectivas medidas correlacionadas tais como o Brix (%) cana e pol (%) cana, possui uma proporção elevada da variação genética total sob o controle genético aditivo (BROWN et al., 1968, 1969; HOGARTH, 1971a, 1987; HOGARTH et al., 1981). Contrastando com caráter principal sob a seleção em programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, que se refere ao caractere rendimento de colmo por hectare, que o controle genético não aditivo pode ser considerado mais importante (HOGARTH, 1987).

Novos estudos com análise de QTL (quantitative trait loci) sugerem que o teor de açúcar pode estar controlado por um grande número alelos segregantes, cada um com um efeito relativamente pequeno (KIMBENG e COX, 2003; BONNET et al., 2004). Isto é o contrário ao relatado anteriormente, onde o controle desta característica seria devido a um número pequeno de genes, porém com grande efeito (HOARAU et al., 2001; MING et al., 2002).

Silva et al. (2002) relatam a importância em se avaliar a capacidade de combinação dos genitores. Genitores que possuem alta capacidade geral de combinação, explicado

pelos efeitos aditivos, poderiam ser recomendados, dentro de um programa de melhoramento, principalmente em cruzamentos denominados policruzamentos, devido o não conhecimento da procedência do pólen. Assim, utilizando um genitor com efeito genético aditivo alto, haveria maior chance de obter uma progênie e esta de ter clones elites. Genitores que possuem capacidade específica de combinação seriam indicados em cruzamentos biparentais. Porém na prática nota-se que para alguns caracteres, há significância na capacidade específica de combinação, enquanto para outros há significância para a capacidade geral de combinação dos genitores.

2.6 DIVERGÊNCIA GENÉTICA

Em algumas situações no melhoramento genético, o estudo sobre a divergência genética dos genitores utilizados ou a serem usados em novos cruzamentos pode ser relevante. Pires (1993) relata que existem vários métodos que possibilitam essa estimativa da divergência genética a partir da performance dos genitores, dentre os quais, destacam-se os estudos que utilizam técnicas de análise multivariada, os métodos baseados no coeficiente de parentesco e aqueles baseados em marcadores moleculares.

Os métodos de marcadores moleculares são processos bioquímicos ou fragmentos de DNA que permitem a distinção de indivíduos geneticamente diferentes. Esses marcadores podem ser utilizados para se estimar a diversidade genética, facilitar a seleção genotípica, identificar germoplasma, construir mapas genéticos e obter informações sobre a estrutura das características quantitativas (BORÉM, 2005).

Resende (2007b) relata que o estudo da divergência genética pode se basear em divergência filogenética (entre espécies diferentes), divergência geográfica, informação de genealogia (coeficiente de parentesco), capacidade específica de combinação (CEC) para o caráter de interesse obtido via cruzamentos dialélicos, agrupamento baseado em distâncias multivariadas, dispersão gráfica após análise multivariada de caracteres múltiplos.

2.6.1 Distâncias Estatísticas e Análise de Agrupamento

A análise de agrupamento permite a formação de grupos (não conhecidos previamente) por meio de técnicas de agrupamento aplicadas sobre medidas de dissimilaridade entre fenótipos. Várias medidas podem ser usadas destacando-se as

distâncias fenotípicas tais quais a Euclidiana, sendo que esta possui algumas variações e tipos, e também a distância estatística ou de Mahalanobis (CRUZ e REGAZZI, 1994; CRUZ e CARNEIRO, 2003). Sob modelos com efeitos aleatórios de tratamentos, os valores genéticos preditos devem ser usados em lugar dos valores fenotípicos. Também uma matriz de variâncias e covariâncias dos valores genéticos deve ser usada para cômputo da distância de Mahalanobis, em lugar da matriz de dispersão residual usada nos modelos com efeitos fixos de tratamento (RESENDE, 2007b).

Resende (2007b) descreve que um procedimento ótimo para análise estatística da divergência genética baseada em caracteres múltiplos deve considerar algumas premissas. Deve assumir os efeitos genotípicos como aleatórios, se basear nos valores genotípicos e não nos fenotípicos, deve considerar o desbalanceamento dos dados, e realizar a análise da divergência simultaneamente à predição dos valores genéticos, pois os valores genotípicos são preditos com diferentes precisões, o que torna importante ser considerado no método de análise. Este último aspecto demanda a união das técnicas de análise multivariada (envolvendo vários caracteres) e de modelos mistos (REML/BLUP).

2.6.2 Distância de Mahalanobis

A distância generalizada de Mahalanobis, também denominada de distância estatística foi proposta em 1936 (MAHALANOBIS, 1936⁶), sendo citado por Resende (2007b), e difere da distância euclidiana por considerar as correlações entre as variáveis e ser invariante aos efeitos de escala de medição dos caracteres. Dados os vetores de médias de v variáveis para o indivíduo i , $u=(u_{i1}, u_{i2}, u_{i3}, \dots, u_{iv})'$ e para o indivíduo i' , $u'=(u_{i'1}, u_{i'2}, u_{i'3}, \dots, u_{i'v})$ bem como a matriz de covariâncias S entre as variáveis, a distância de Mahalanobis é dada por: $D_M(i, i') = [(u_i - u_{i'})' \Sigma^{-1} (u_i - u_{i'})]^{1/2}$. Se a matriz de covariâncias for uma matriz identidade (caso de variáveis não correlacionadas e com variâncias unitárias), a distância de Mahalanobis reduz-se à distância Euclidiana. Se a matriz de covariâncias for uma matriz diagonal (caso de variáveis não correlacionadas), a distância de Mahalanobis reduz-se à distância Euclidiana normalizada ou padronizada dada por $D_E(i, i') = \left[\sum_{j=1}^v (u_{ij} - u_{i'j})^2 / s_j^2 \right]^{1/2}$. O uso da distância de Mahalanobis é preferível em

⁶ MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings...** Proceedings of National Institute of Sciences, Índia. n.2, p.49-55, 1936.

relação ao uso da distância Euclidiana, por considerar as correlações entre as variáveis analisadas (RESENDE, 2004; 2007b).

2.6.3 Agrupamento de Tocher

As técnicas de agrupamento têm como objetivo separar os indivíduos ou genótipos em grupos heterogêneos entre eles e homogêneos dentro deles. O método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952⁷), descrito por Cruz e Regazzi (1994), adota o critério de que a média das medidas de distância dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre grupos. Inicialmente o par de indivíduos mais próximos é identificado e então é formado o primeiro grupo. Em seguida, aplica-se o critério mencionado acima visando verificar se novos indivíduos possam ser alocados no mesmo grupo. Caso não possam ser incluídos em um grupo, novos grupos são formados. A distância média intragrupo aumenta com a entrada de um novo indivíduo no grupo. Para aceitar a entrada desse novo indivíduo no grupo, esse acréscimo na distância média intragrupo ($D_{(ij)k/n}$) deve ser comparado com um limite máximo permitido para inclusão no grupo. Esse limite máximo (max.) é geralmente tomado como a maior distância dentre todas as distâncias mínimas associadas a cada indivíduo. Sendo matematicamente expresso por: inclusão do indivíduo k no grupo: se $D_{(ij)k}/n \leq \max$; e não inclusão do indivíduo k no grupo: se $D_{(ij)k}/n > \max$, onde a quantidade de n refere-se ao número de indivíduos já alocados no grupo e $D_{(ij)k}$ é dado por $D_{(ij)k} = D_{ik} + D_{jk}$ (RESENDE, 2007b).

2.6.4 Agrupamento Hierárquico

A técnica de agrupamento hierárquico interliga as amostras por suas associações, produzindo um dendrograma onde as amostras semelhantes, segundo as variáveis escolhidas, são agrupadas entre si. A suposição básica de sua interpretação é quanto menor a distância entre os pontos, maior a semelhança entre as amostras. Portanto, o dendrograma é especialmente útil para a visualização de semelhanças entre amostras, sejam estes genitores utilizados em hibridações, representados por pontos em espaço com

⁷ RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York : J. Wiley, 1952. 390p.

dimensão maior do que três, onde a representação de gráficos convencionais não é possível (MOITA NETO e MOITA, 1998).

2.6.5 Divergência Genética em Cana-de-Açúcar

Estudos de divergência genética têm evidenciado que a cultura da cana-de-açúcar pode ter uma base genética restrita, conforme observado por Silva et al. (2005). Ao avaliarem a divergência genética entre clones de cana-de-açúcar testados em terceira fase de seleção da cultura, apresentaram uma base genética restrita. De acordo com os respectivos resultados relatados, observaram que a divergência genética obtida pelo método de Tocher e pelas Variáveis Canônicas, além de revelarem a concordância entre os resultados, indicaram a inclusão de um grande número de clones dentro de um mesmo grupo, indicando assim a elevada homogeneidade entre os genótipos avaliados. Entre os caracteres avaliados que teriam mais contribuído para divergência genética, citam-se o número de colmos por parcela, Brix (%) cana e a produção de açúcar por parcela.

Trabalhos com técnicas moleculares, como AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), avaliando cultivares de cana-de-açúcar manejadas em duas regiões na Índia, tropical e subtropical, relatam que o uso de genitores divergentes em cruzamentos pode auxiliar para definir prioridades, reduzir custos e otimizar a escolha de genitores para cruzamentos promissores em cana-de-açúcar. No presente trabalho os pesquisadores, observaram que a distância genética estimada entre os genitores, variou entre 0,17 a 0,48 (SELVIA et al., 2005).

Bastos (2001) ao estudar a capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), cita Hogarth et al. (1981⁸), que descreve que mesmo que os programas de melhoramento tenham sido apoiados numa base genética estreita, grandes avanços têm sido obtidos relativamente à produção, à resistência a doenças, ao teor de sacarose, à precocidade, à adaptação, dentre outros, mostrando a existência de ampla variabilidade genética destes genótipos, sendo esta proveniente da heterozigosidade e da alta ploidia dos clones utilizados nos cruzamentos. Portanto há a possibilidade de se explorar variabilidade genética suficiente para se continuar a obter incrementos de produtividade ao invés de redirecionar o programa para a introgressão genética. Para isto,

⁸ HOGARTH, D.M., WU, K.K., HEINZ, D.J. Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross design. **Crop Science**, v. 21, p. 21-251, 1981.

indica-se a adoção de métodos de seleção que favoreçam este incremento em produtividade (TAVARES, 2002).

3 METODOLOGIA

3.1 POPULAÇÃO ORIGINAL

As famílias utilizadas nesta pesquisa foram provenientes de cruzamentos realizados na Estação Experimental da Serra do Ouro/RIDESA/UFAL, localizada no Município de Murici, Estado do Alagoas, no ano de 2003. Estes cruzamentos são correspondentes à série RB03. Os cruzamentos realizados foram controlados, denominados biparentais ou cruzamentos simples. Para o presente estudo, foram utilizadas 80 famílias de irmãos germanos, que estão descritas na Tabela 1. Estas famílias foram originadas a partir do cruzamento entre 69 genitores diferentes, conforme estão apresentados na Tabela 2. As sementes⁹ originadas destes cruzamentos foram coletadas e acondicionadas em embalagens, sendo posteriormente enviadas para o Programa Cana-de-Açúcar/RIDESA/UFPR. Foram encaminhados para a Estação Experimental de Paranaíba, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, onde as sementes foram plantadas em bandejas com substrato e acondicionadas em casa-de-vegetação para germinação e crescimento das plântulas, sendo feito posteriormente a aclimação, sob condição de sombrite a 50% e depois sem sombrite. As plântulas originadas dos respectivos cruzamentos biparentais, após aclimação, foram enviadas para plantio e instalação do experimento de famílias em uma área experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar / RIDESA / UFPR.

⁹ Em cana-de-açúcar, quando se utiliza o termo semente, esta se referindo ao fruto classificado como cariopse. Portanto sempre que este termo aparecer no texto, este deve ser associado sempre ao fruto e não a semente botânica.

TABELA 1 - Número de cruzamentos biparentais¹, relação dos genitores femininos e masculinos, e códigos usados para identificação dos cruzamentos, utilizados no experimento de estudo de famílias de irmãos germanos em cana-de-açúcar, série RB03. 2006.

Nº	Feminino		Masculino	Código Famílias	Nº	Feminino		Masculino	Código Famílias
1	CO62-175	e	RB92579	491	41	RB855511	e	RB867515	6122
2	IAC87-3396	e	RB855036	6968	42	RB855511	e	RB925453	6222
3	L6014	e	RB855536	232	43	RB855536	e	RB855156	1923
4	RB721012	e	RB928064	503	44	RB855536	e	SP80-1842	6423
5	RB72454	e	RB835486	154	45	RB855595	e	RB945961	3238
6	RB72454	e	RB855046	514	46	RB855595	e	RB855536	2324
7	RB72454	e	RB855206	524	47	RB855595	e	RB945961	3224
8	RB72454	e	SP81-3250	534	48	RB912825	e	RB946022	3425
9	RB735200	e	SP77-5181	435	49	RB912850	e	SP80-1816	4426
10	RB75126	e	RB855463	216	50	RB925211	e	RB835486	1527
11	RB75126	e	IAC52-326	546	51	RB925211	e	RB8495	1727
12	RB75126	e	Q124	556	52	RB925345	e	RB946903	3528
13	RB75126	e	RB865463	566	53	RB92606	e	RB92579	4929
14	RB768647	e	RB92579	497	54	RB9350	e	SP70-1143	4130
15	RB813804	e	RB93509	318	55	RB9350	e	SP77-5181	4330
16	RB813804	e	RB845197	578	56	RB93509	e	RB925211	2731
17	RB825336	e	SP80-1816	449	57	RB945961	e	RB855595	2423
18	RB825548	e	RB855156	1910	58	RB945961	e	RB855595	2432
19	RB83102	e	RB9350	3011	59	RB945991	e	RB855595	2433
20	RB83102	e	RB855113	5811	60	RB946022	e	RB92579	4934
21	RB83102	e	SP79-1011	5911	61	RB946903	e	RB855035	1835
22	RB8317	e	RB8495	1712	62	RB946903	e	RB925345	2835
23	RB8317	e	RB925345	2812	63	RB94701	e	RB867515	6136
24	RB835054	e	RB931555	6013	64	RB947501	e	RB855035	1837
25	RB835089	e	RB8495	1714	65	RB947501	e	RB855156	1937
26	RB835089	e	RB867515	6114	66	RB947501	e	SP80-3280	4537
27	RB835468	e	RB925211	2715	67	RB947501	e	RB867515	6137
28	RB845210	e	RB867515	6116	68	RB956911	e	SP83-2847	4639
29	RB855453	e	SP83-2847	4670	69	RB966928	e	RB835054	1340
30	RB8495	e	RB8317	1217	70	RB966928	e	RB855046	5140
31	RB8495	e	RB835089	1417	71	SP70-1143	e	SP77-5181	4341
32	RB855035	e	RB946903	3518	72	SP70-2233	e	TUC7742	6542
33	RB855156	e	SP80-1816	4419	73	SP77-5181	e	RB867515	6143
34	RB855156	e	RB925453	6219	74	SP80-3280	e	RB845257	6645
35	RB855463	e	RB92579	4921	75	SP83-2847	e	RB956911	3946
36	RB855511	e	RB925345	2822	76	SP83-2847	e	TUC71-7	4846
37	RB855511	e	SP80-1816	4422	77	SP83-2874	e	RB855463	2146
38	RB855511	e	SP80-3280	4522	78	SP83-5073	e	RB867515	6147
39	RB855511	e	SP83-5073	4722	79	TUC71-7	e	RB92579	4948
40	RB855511	e	RB855206	5222	80	TUC71-7	e	RB806043	6748

Nota ¹ – Cruzamentos de polinização controlada entre dois genitores conhecidos.

TABELA 2 - Relação dos genitores e número de vezes que apareceram como progenitores femininos, masculinos e número total, no estudo de famílias de irmãos germanos em cana-de-açúcar, obtidos a partir de cruzamentos biparentais, série RB03, 2006.

Nº	Genitores	F ¹	M	Total	Nº	Genitores	F	M	Total
1	CO62-175	1	0	1	36	RB865463	0	1	1
2	IAC52-326	0	1	1	37	RB867515	0	7	7
3	IAC87-3396	1	0	1	38	RB912825	1	0	1
4	L6014	1	0	1	39	RB912850	1	0	1
5	Q124	0	1	1	40	RB925211	2	2	4
6	RB721012	1	0	1	41	RB925345	1	3	4
7	RB72454	4	0	4	42	RB925453	0	1	1
8	RB735200	1	0	1	43	RB92579	0	6	6
9	RB75126	4	0	4	44	RB92606	1	0	1
10	RB768647	1	0	1	45	RB928064	0	1	1
11	RB806043	0	1	1	46	RB931555	0	1	1
12	RB813804	2	0	2	47	RB9350	2	1	3
13	RB825336	1	0	1	48	RB93509	1	1	2
14	RB825548	1	0	1	49	RB935915	0	1	1
15	RB83102	3	0	3	50	RB945961	2	2	4
16	RB8317	2	1	3	51	RB945991	1	0	1
17	RB835054	1	1	2	52	RB946022	1	1	2
18	RB835089	2	1	3	53	RB946903	2	2	4
19	RB835468	1	0	1	54	RB94701	1	0	1
20	RB835486	0	2	2	55	RB947501	4	0	4
21	RB845197	0	1	1	56	RB956911	1	1	2
22	RB845210	1	0	1	57	RB966928	2	0	2
23	RB845257	0	1	1	58	SP70-1143	1	1	2
24	RB855453	1	0	1	59	SP70-2233	1	0	1
25	RB8495	2	3	5	60	SP77-5181	1	3	4
26	RB855035	1	2	3	61	SP79-1011	0	1	1
27	RB855036	0	1	1	62	SP80-1816	0	4	4
28	RB855046	0	2	2	63	SP80-1842	0	1	1
29	RB855113	0	1	1	64	SP80-3280	1	2	3
30	RB855156	2	3	5	65	SP81-3250	0	1	1
31	RB855206	0	2	2	66	SP83-2847	2	2	4
32	RB855463	1	2	3	67	SP83-5073	1	1	2
33	RB855511	7	0	7	68	TUC71-7	2	1	3
34	RB855536	2	2	4	69	TUC77-42	0	1	1
35	RB855595	3	3	6					

Nota ¹ - Número de vezes que o genótipo apareceu como genitor feminino (F), masculino (M) e número total.

3.2 CARACTERIZAÇÃO DO LOCAL DO EXPERIMENTO

O experimento de famílias de irmãos germanos da série RB03 foi conduzido a campo, nos anos agrícolas de 2004 a 2006 e em área experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar / RIDESA / UFPR, cedida pela Destilaria COCAMAR (Cooperativa dos Cafeicultores de Maringá Ltda.) e localizada no Município de São Tomé, PR, região noroeste do Estado. A região está situada entre as coordenadas geográficas: 23° 34' 02,75" de latitude Sul e 52° 38' 53,87" de longitude Oeste, e com altitude média de 450 m.

A região está localizada no Terceiro Planalto Paranaense e, de acordo com a classificação de Köppen, apresenta clima tipo Cfa, sendo caracterizado como subtropical com temperatura média no mês mais frio inferior a 18°C (mesotérmico) e temperatura média no mês mais quente acima de 22°C, com verões quentes, geadas pouco freqüentes e tendência de concentração das chuvas nos meses de verão, contudo sem estação seca definida e com precipitação média anual entre 1.300 a 1.400 mm (IAPAR, 1994; 2000).

Os dados climatológicos como precipitação mensal (mm), temperatura máxima (°C), temperatura média (°C) e temperatura mínima (°C), foram coletados na Estação Meteorológica de Cianorte, situada no Município de Cianorte, PR, entre o período de janeiro de 2004 a julho de 2006, sendo cedido pelo Instituto Tecnológico SIMEPAR e estão apresentados no Anexo 1 (SIMEPAR, 2007).

O experimento foi instalado em solo tipo LATOSSOLO VERMELHO Distrófico, classificados como solos muito profundos, formados a partir de materiais derivados de arenitos, com seqüência de horizontes A, B, C pouco diferenciados, coloração vermelha escura, porosos, muito friáveis, fortemente drenados, baixa fertilidade natural, ácidos, mas de baixo a médio teor de alumínio trocável e saturação de bases baixa. É encontrado em regiões de relevo suave ondulado conforme a região. (EMBRAPA, 1999; PRADO, 2003).

3.3 EXPERIMENTO A CAMPO

Foi instalado o campo experimental da fase T1 com 80.000 seedlings provenientes da série RB03 e que foram plantados no dia 4 de março de 2004. Para o experimento de estudo de famílias foi amostrado aleatoriamente 4.000 plântulas (seedlings), dentro deste campo de T1, totalizando 80 famílias, que foram amostradas a campo seguindo um delineamento experimental em blocos incompletos, considerando cinco repetições por

família. Cada parcela experimental foi composta por dez seedlings, plantados em linha e com espaçamento entre plantas de 0,50 m, e espaçamento entre parcelas de 1,40 m, entrelinha de plantio. A adubação de base utilizada foi de 400 kg ha⁻¹, do formulado 5:25:25, na proporção de 20 kg ha⁻¹ de N, 100 kg ha⁻¹ de K₂O e 100 kg ha⁻¹ de P₂O₅. A adubação em soca foi de 400 kg ha⁻¹, do formulado 20:0:20, sendo a proporção de 80 kg de N ha⁻¹ e 80 kg de K₂O ha⁻¹ e com adubação de cobertura de 80 kg de N ha⁻¹.

O corte do campo de T1 em ciclo de cana-planta foi realizado no mês de março de 2005, manualmente e com amontoa da palha nos carregadores. A coleta dos dados utilizados para o estudo de famílias foi realizada em ciclo de cana-soca. Esta coleta dos dados à campo foi realizada entre o período de março a abril de 2006.

3.4 COLETA DOS DADOS A CAMPO

A campo foram mensurados os componentes primários de produção para cada indivíduo (seedling) presente nas parcelas experimentais nos testes de famílias. Os caracteres mensurados e a metodologia de avaliação estão descritos a seguir:

- Diâmetro médio da base do colmo: mensurado com o auxílio de um paquímetro, onde o valor da escala corresponde a um valor em milímetro (mm), que posteriormente convertido para centímetros (cm). As avaliações foram realizadas no terceiro internódio e em sua porção mediana. Foram realizadas duas medições para cada indivíduo (“seedling”) presente na parcela experimental, sendo considerado o valor médio.
- Estatura média de colmo: para mensurar a estatura de colmo foi construída uma régua com intervalo de valores de 5 em 5 cm e com tamanho total de dois metros e cinquenta centímetros (2,5 m). Para mensurar a altura dos indivíduos (seedlings) foi considerada a estatura a partir do nível do solo até a primeira aurícula visível (dewlap), classificada como folha +1¹⁰. Para cada indivíduo foram realizadas três medições, sendo considerado o valor médio.
- Número de perfilhos por touceira: avaliado pela contagem do número de perfilhos adultos sobreviventes de cada indivíduo (seedlings).

¹⁰ Para identificação da folha +1, foi considerada a primeira folha com “dewlap” ou aurícula visível, como sendo a folha +1, de acordo com classificação descrita por Kuijper (DILLEWIJN, 1952).

- Brix (%) cana: determinado com o auxílio de um refratômetro de campo¹¹. Foram coletadas amostras do caldo do colmo e realizado a leitura direta no refratômetro. Para cada indivíduo presente na parcela experimental, foram realizadas duas amostragens, sendo considerado o valor médio. A coleta do caldo da cana foi realizada na porção mediana do internódio e no terço médio dos perfilhos. A época de amostragem do Brix (%) cana foi realizada entre o final de março e início de abril de 2006, o que representa uma avaliação precoce para o Estado do Paraná.
- Massa média de colmo: correspondeu à pesagem, em kg, sendo realizado a amostragem aleatória de dez colmos em cada parcela experimental, sendo obtido posteriormente a massa média de um colmo, em kg. Os colmos foram coletados manualmente, sendo feito posteriormente o desponte próximo à folha +5. A pesagem foi realizada no local do experimento, sendo utilizado um suporte móvel com um dinamômetro acoplado. Posteriormente, estas amostras foram enviadas para laboratório para análise tecnológica [Pol (%) cana; fibra (%) cana, ART (%) cana e pureza (%) cana]. Para estimar a massa média de um colmo foi adotada a metodologia proposta por Chang e Milligan (1992)¹², citado por Resende e Barbosa (2006), conforme descrito: $p = d.p.r^2.c.n$ (onde d densidade=1, r é o diâmetro, c é a estatura de colmos, n o nº de perfilhos/touceira e p é a massa média de um colmo)

3.5 COMPONENTES DE PRODUTIVIDADE

De posse das variáveis mensuradas a campo, foram determinados os seguintes caracteres relacionados com a produtividade: massa total da parcela, em kg; número total de perfilhos por parcela experimental; tonelada de cana por hectare, em $t.ha^{-1}$; e tonelada de Brix por hectare, em $t.ha^{-1}$, conforme descrição abaixo:

- Massa total da parcela - MTP: foi estimado em função da massa média por perfilho (kg), pelo número de perfilhos presentes em suas respectivas parcelas experimentais: $MTP = M1C \times NPTP$, em que: MTP: massa média total por parcela; M1C: massa média de um colmo (kg), obtido por $M10C/10$; e NPTP: número de perfilhos totais por parcela.

¹¹ Refratômetro de campo: aparelho manual, que tem a função de mensurar o teor de sólidos solúveis totais (% de Brix) presentes em um caldo amostrado, neste caso o caldo da cana-de-açúcar.

¹² CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p.662-671, 1992.

- Número total de perfilhos por parcela - NPTP: determinada pela contagem do número perfilhos totais, sobreviventes e adultos, na parcela experimental, sendo posteriormente obtido o número de perfilhos por metro linear (NPM).
- Tonelada de cana por hectare - TCH: estimado em função da massa média de um colmo da parcela, em kg, o número total de perfilhos presentes nas respectivas parcelas (divididos por dez metros referentes a parcela experimental) e função do espaçamento de plantio, conforme evidencia a seguinte fórmula: $TCH = (MIC \times NPM) \times 1000 / ESP$. Onde, *ESP*, refere-se ao espaçamento entre sulco (1,4 m).
- Tonelada de Brix por hectare - TBH: determinado em função da tonelada de cana por hectare e Brix (%) cana, conforme descreve a fórmula a seguir: $TBH = (TCH \times Brix \% cana) / 100$.

3.6 CARACTERES TECNOLÓGICOS

Para realizar a análise tecnológica das famílias utilizadas no presente estudo, foram coletados, aleatoriamente, dez colmos de cada parcela experimental. Estes colmos foram identificados a campo, sendo posteriormente levados para serem triturados. A partir do material triturado, foi retirada uma amostra composta, que foi enviada para ser analisada em laboratório. A análise tecnológica foi realizada no laboratório da Destilaria Cocamar, localizado no Município de São Tomé, Paraná, entre o período de 3 a 7 de abril de 2006. Para proceder aos cálculos dos parâmetros e predição dos valores genéticos, foram utilizados os seguintes caracteres tecnológicos: pol (%) cana, açúcares redutores totais (ART), fibra (%) cana e pureza (%) cana. Estes caracteres podem ser calculados pelas seguintes fórmulas descritas a seguir, conforme relatado por Fernandes (2000):

- Pol (%) cana: o teor de pol (%) na cana pode ser obtido através da seguinte fórmula: $Pol = (a/c + 1 - 0,01 \times Fib_d)$, em que $a=1000g H_2O$, $c=500g$ de cana, s refere-se ao pol no extrato do digestor, onde, $s = L_d \times (0,2605 - 0,001 \times b)$ e L_d corresponde à leitura sacarimétrica do extrato e b ao Brix % extrato do digestor, Fib_d ao teor de fibra da cana obtida pelo método do digestor.
- Açúcares redutores totais – ART (%) cana: a sacarose pode ser obtida, considerando-se o teor de sacarose não diferente significativamente da pol,

admitindo: $ART = (Pol/0,95) + AR$, em que AR expressa os açúcares redutores, composto principalmente por glucose e frutose.

- Fibra (%) cana: representa a matéria insolúvel em água contida na cana e pode ser obtido pelo cálculo do teor de fibra da cana pelo método do digestor por meio da seguinte fórmula: $Fib_d = (100 - Umid_d - 3 \times b) / (1 - 0,01 \times b)$, onde $Umid_d$ refere-se à umidade (%) cana, obtida pela secagem de 100 g de cana em estufa, e b corresponde ao Brix refratométrico do extrator do digestor.
- Pureza (%) do caldo da cana: refere-se aos componentes em porcentagem de cana, obtido pelo seguinte fórmula: $PUR = 100 \times Pol_d / Brix_d$, onde POL_d , refere-se a fórmula genérica da pol na cana e $Brix_d$ ao teor de Brix (%) obtido no extrato colocado no refratômetro.

3.7 ANÁLISE GENÉTICA – VIA REML/BLUP

A avaliação genética, das famílias e dos genitores candidatos à seleção, foi realizada, usando o procedimento ótimo e padrão para predição de valores genéticos denominado de BLUP individual, usando estimativas de componentes de variância obtidas pelo método denominado REML sob o modelo individual, descrito por Resende et al. (1996c) e Resende (2002b, 2004). Para realizar a análise genética, adotou-se o programa computacional Selegen – REML/BLUP. Foram utilizados o modelo 38 (para variáveis analisadas e estimadas em nível de indivíduos: diâmetro e estatura de colmo, número de perfilhos por touceira, Brix (%) cana, massa média de colmo, TCH e TBH) e o modelo 35 (para variáveis analisadas em nível de parcelas: Pol (%) cana, Fibra (%) cana, ART (%) cana e Pureza (%) cana) associados ao delineamento de blocos incompletos, teste de progênies de polinização controlada em espécies alógamas (RESENDE, 2002a; 2007a).

3.7.1 Modelo Estatístico 38 - blocos incompletos, vários genótipos por parcela, genitores não aparentados

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico associado à avaliação de famílias de irmãos germanos obtidas sob cruzamento dialélico desbalanceado, no delineamento de blocos incompletos, com várias plantas por parcela:

$$y = Xr + Za + Wp + Sf + Tb + e$$

Em que:

y : vetor de dados;

r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a : vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p : é o vetor de efeitos de parcelas (aleatórios);

f : vetor dos efeitos genéticos de dominância associado a famílias de irmãos germanos (assumidos como aleatórios);

b : vetor dos efeitos dos blocos incompletos (aleatórios);

e : vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

$X, Z, W, S,$ e T = representam as matrizes de incidência para os efeitos de $r, a, p, f,$ e b , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$y | r, V \sim N(Xr, V)$$

$$a | A, s_a^2 \sim N(0, A s_a^2)$$

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

$$f | s_f^2 \sim N(0, I s_f^2)$$

$$b | s_b^2 \sim N(0, I s_b^2)$$

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

$\text{Cov}(a, p')=0; \text{Cov}(a, f')=0; \text{Cov}(a, b')=0, \text{Cov}(a, e')=0;$

$\text{Cov}(p, f')=0; \text{Cov}(p, b')=0; \text{Cov}(p, e')=0; \text{Cov}(f, b')=0;$

$\text{Cov}(f, e')=0; \text{Cov}(b, e')=0,$ ou seja:

$$E = \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ f \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ f \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZAs_a^2 & Wls_p^2 & Sls_f^2 & Tls_b^2 & ls_e^2 \\ As_a^2Z' & As_a^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ ls_p^2W' & 0 & ls_p^2 & 0 & 0 & 0 \\ ls_f^2S' & 0 & 0 & ls_f^2 & 0 & 0 \\ ls_b^2T' & 0 & 0 & 0 & Tls_b^2 & 0 \\ ls_e^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & ls_e^2 \end{bmatrix}$$

$$V = \text{Var}(Y) = ZAs_a^2Z' + Wls_p^2W' + Sls_f^2S' + Tls_b^2T' + ls_e^2,$$

A é a matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'S & X'T \\ ZX & ZZ + A^{-1}I_1 & Z'W & Z'S & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + II_2 & W'S & W'T \\ S'X & S'Z & S'W & S'S + II_3 & S'W \\ T'X & T'Z & T'W & T'S & T'T + II_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \\ \hat{f} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ S'y \\ T'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$I_1 = \frac{s_e^2}{s_a^2} = \frac{1 - h^2 - p^2 - f^2 - b^2}{h^2};$$

$$I_2 = \frac{s_e^2}{s_p^2} = \frac{1 - h^2 - p^2 - f^2 - b^2}{p^2};$$

$$I_3 = \frac{s_e^2}{s_f^2} = \frac{1 - h^2 - p^2 - f^2 - b^2}{f^2};$$

$$I_4 = \frac{s_e^2}{s_b^2} = \frac{1 - h^2 - p^2 - f^2 - b^2}{b^2}.$$

$$h^2 = \frac{s_a^2}{s_a^2 + s_p^2 + s_f^2 + s_b^2 + s_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito};$$

$$p^2 = \frac{s_p^2}{s_a^2 + s_p^2 + s_f^2 + s_b^2 + s_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos parcela};$$

$$f^2 = \frac{s_f^2}{s_a^2 + s_p^2 + s_f^2 + s_b^2 + s_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade}$$

específica de combinação;

$$b^2 = \frac{s_b^2}{s_a^2 + s_p^2 + s_f^2 + s_b^2 + s_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos bloco};$$

s_a^2 : variância genética aditiva;

s_{par}^2 : variância entre parcelas;

s_f^2 : variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre as famílias de irmãos germanos;

s_b^2 : variância entre blocos;

s_e^2 : variância residual ou erro;

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

$$\hat{s}_e^2 = [y'y - \hat{r}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{p}W'y - \hat{f}S'y - \hat{b}T'y] / [N - r(x)]$$

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

$$\hat{s}_{par}^2 = [\hat{p}'\hat{p} + \hat{s}_e^2 \text{tr}C^{33}] / s_1$$

$$\hat{s}_f^2 = [\hat{f}'\hat{f} + \hat{s}_e^2 \text{tr}C^{44}] / t$$

$$\hat{s}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{s}_e^2 \text{tr}C^{55}] / s_2$$

sendo que:

C^{22} , C^{33} , C^{44} e C^{55} são derivados de C^{-1} ;

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} & C_{15} \\ C_{21} & C_{22} & C_{32} & C_{24} & C_{25} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} & C_{35} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} & C_{45} \\ C_{51} & C_{52} & C_{53} & C_{54} & C_{55} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} & C^{15} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} & C^{25} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} & C^{35} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} & C^{45} \\ C^{51} & C^{52} & C^{53} & C^{54} & C^{55} \end{bmatrix}$$

C : matriz de dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr : operador de traço matricial;

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

N , q , s_1 , t e s_2 : número total de dados, números total de parentes, número total de parcelas, número de total cruzamentos e número total de blocos, respectivamente.

O estimador do componente de variância de dominância entre famílias é dado por $\hat{S}_f^2 = (1/4)\hat{S}_d^2$. Isto é igual ao componente de variância associada com a capacidade específica de combinação. Neste caso, \hat{S}_f^2 é igual a 1/4 da variância genética de dominância total presente na população.

A herdabilidade média da família (\hat{h}_{mf}^2) foi estimado por:

$$\hat{h}_{mf}^2 = \left[(1/2) \times s_a^2 + s_d^2 \right] / \left[(1/2) \times s_a^2 + s_d^2 + s_{par}^2 / n_{rep}^0 + (s_e^2 + 1/2 s_a^2) / (n_{planta}^0 \times n_{rep}^0) \right]$$

onde:

n_{rep}^0 : número de repetições;

n_{planta}^0 : número de plantas por parcela.

A variância genotípica entre famílias (s_p^2) foi estimada por:

$$s_p^2 = (s_a^2 / 2) + s_d^2$$

Variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV):

$$PEV = (1 - \hat{h}_{mf}^2) \times s_p^2$$

Desvio padrão do valor genotípico predito (SEP):

$$SEP = \sqrt{PEV}$$

Acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}):

$$Ac_{fam} = \sqrt{\hat{h}_{mf}^2}$$

Coefficiente de variação genética (CV_{gi} %):

$$CV_{gi} \% = (s_p^2 / MG) \times 100$$

Onde:

MG : Média geral

Coefficiente de variação ambiental (CV_e %):

$$CV_e \% = \left\{ \sqrt{[s_{par}^2 + s_e^2 + (s_a^2 / 2) / n_{planta}^0]} / MG \right\} \times 100$$

Coefficiente de variação relativa (CV_r):

$$CV_r = CV_{gi} \% / CV_e \%$$

A seqüência de colunas no arquivo de dados para análise empregando o modelo 38, no programa computacional Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2002a; 2007a) é a seguinte:

- Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Parcela, Progenie, Bloco, Planta, Variáveis.

3.7.2 Modelo Estatístico 35 - blocos incompletos e colheita total da parcela, genitores não aparentados

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico associado à avaliação de famílias de irmãos germanos obtidas sob cruzamento dialélico desbalanceado, no delineamento de blocos incompletos, com uma observação por parcela:

$$y = Xr + Za + Wf + Ub + e$$

Em que:

y : vetor de dados;

r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a : vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios);

f : vetor dos efeitos genéticos de dominância associado a famílias de irmãos germanos (assumidos como aleatórios);

b : vetor dos efeitos dos blocos incompletos (aleatórios);

e : vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X , Z , W e U = representam as matrizes de incidência para os efeitos de r , a , f e b , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$y | r, V \sim N(Xr, V)$$

$$a | A, s_a^2 \sim N(0, A s_a^2)$$

$$f | s_f^2 \sim N(0, I s_f^2)$$

$$b | I s_b^2 \sim N(0, I s_b^2)$$

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

$$\text{Cov}(a, f) = 0; \text{Cov}(a, b) = 0; \text{Cov}(a, e) = 0$$

$$\text{Cov}(f, b) = 0; \text{Cov}(f, e) = 0; \text{Cov}(b, e) = 0, \text{ ou seja:}$$

$$E = \begin{bmatrix} y \\ a \\ f \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ f \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZAs_a^2 & WIs_f^2 & Uls_b^2 & Is_e^2 \\ As_a^2 Z' & As_a^2 & 0 & 0 & 0 \\ Is_f^2 W' & 0 & Is_f^2 & 0 & 0 \\ Is_b^2 U' & 0 & 0 & Uls_b^2 & 0 \\ Is_e^2 & 0 & 0 & 0 & Is_e^2 \end{bmatrix}$$

$$V = \text{Var}(Y) = ZAs_a^2 Z' + WIs_f^2 W' + Uls_b^2 U' + Is_e^2,$$

A é a matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'V & X'W & X'U \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}I_1 & Z'W & Z'U \\ W'X & W'Z & W'W + I_2 & W'U \\ U'X & U'Z & U'W & U'U + I_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{a} \\ \hat{f} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ U'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$I_1 = \frac{s_e^2}{s_a^2} = \frac{1 - h^2 - f^2 - b^2}{h^2};$$

$$I_2 = \frac{s_e^2}{s_f^2} = \frac{1 - h^2 - f^2 - b^2}{f^2};$$

$$I_3 = \frac{s_e^2}{s_b^2} = \frac{1 - h^2 - f^2 - b^2}{b^2}.$$

$$h^2 = \frac{s_a^2}{s_a^2 + s_f^2 + s_b^2 + s_e^2}: \text{ herdabilidade individual no sentido restrito;}$$

$$f^2 = \frac{s_f^2}{s_a^2 + s_f^2 + s_b^2 + s_e^2}: \text{ coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica}$$

de combinação;

$$b^2 = \frac{s_b^2}{s_a^2 + s_f^2 + s_b^2 + s_e^2}: \text{ coeficiente de determinação dos efeitos bloco;}$$

s_a^2 : variância genética aditiva;

s_f^2 : variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre as famílias de irmãos germanos;

s_b^2 : variância entre blocos;

s_e^2 : variância residual ou erro;

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

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

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

$$\hat{s}_f^2 = [\hat{f}'\hat{f} + \hat{s}_e^2 \text{tr}C^{33}] / s_1$$

$$\hat{s}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{s}_e^2 \text{tr}C^{44}] / s_2$$

sendo que:

C^{22} , C^{33} e C^{44} são derivados de C^{-1} ;

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

C : matriz de dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr : operador de traço matricial;

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

N , q , s_1 e s_2 : número total de dados, números total de parentes, número de total cruzamentos e número total de blocos, respectivamente.

O estimador do componente de variância de dominância entre famílias é dado por $\hat{s}_f^2 = (1/4)\hat{s}_d^2$. Isto é igual ao componente de variância associada com a capacidade específica de combinação. Neste caso, \hat{s}_f^2 é igual a 1/4 da variância genética de dominância total presente na população.

A herdabilidade média da família (\hat{h}_{mf}^2) foi estimado por:

$$\hat{h}_{mf}^2 = s_p^2 / \{ [s_e^2 (s_a^2 / 2)] h_{rep}^0 + s_p^2 \}$$

A variância genotípica entre famílias (s_p^2) foi estimada por:

$$s_p^2 = (s_a^2 / 2) + s_d^2$$

Variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV):

$$PEV = (1 - \hat{h}_{mf}^2) \times s_p^2$$

Desvio padrão do valor genotípico predito (SEP):

$$SEP = \sqrt{PEV}$$

Acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}):

$$Ac_{fam} = \sqrt{\hat{h}_{mf}^2}$$

Coefficiente de variação genética (CV_{gi} %):

$$CV_{gi} \% = (s_p^2 / MG) \times 100$$

Onde:

MG : Média geral

Coefficiente de variação ambiental (CV_e %):

$$CV_e \% = \left\{ \left[\sqrt{s_e^2 + (s_a^2 / 2)} \right] / MG \right\} \times 100$$

Coefficiente de variação relativa (CV_r):

$$CV_r = CV_{gi} \% / CV_e \%$$

A seqüência de colunas no arquivo de dados para análise empregando o modelo 35, no programa computacional Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2002a; 2007a) é a seguinte:

- Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Bloco, Progênie, Planta, Variáveis.

3.7.3 BLUPIS – BLUP Individual Simulado

Para o modelo 38, o procedimento BLUPIS foi determinado a partir dos valores genotípicos dos cruzamentos (V_{gc}), sendo obtido o efeito genotípico ($g = V_{gc} - \text{Média geral}$) para cada cruzamento, após foi determinado g/g_1 para cada família i , em que g_1 é o g da melhor família, sendo estimado o número de indivíduos a ser selecionado de cada família ($g/g_1 \times 50$). Já para o modelo 35 do programa Selegen-REML/BLUP, o programa indica o

número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família, pelo procedimento BLUP individual simulado (BLUPIS), conforme desenvolvido por Resende e Barbosa (2006).

Este procedimento estima de forma dinâmica o número n_k de indivíduos a serem selecionados em cada família k , determinado 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. Alternativamente, tal procedimento pode ser dado pela seguinte expressão: $n_k = [1 - (\hat{g}_j - \hat{g}_k) / (\hat{g}_j)] n_j = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) n_j$. O valor de n_k depende do tamanho da diferença entre efeitos genotípicos das duas famílias, permitindo ainda a eliminação das famílias com efeito genotípico negativo por estarem abaixo da média geral do experimento (RESENDE e BARBOSA, 2005; 2006).

3.7.4 Correlação entre BLUPIS x BLUP

As correlações entre BLUPIS x BLUP para os caracteres analisados em nível de indivíduos de acordo como modelo 38 (diâmetro e estatura de colmo, número de perfilhos por touceira, Brix (%) cana, massa média de um colmo, TCH e TBH) foram calculadas a partir dos números de clones potenciais indicados por ambas as metodologias BLUPIS x BLUP:

$$r_{blupis, blup} = \mathbf{s}_{blupis, blup} / \mathbf{s}_{blupis} \mathbf{s}_{blup}$$

$\mathbf{s}_{blupis, blup}$: covariância entre *blupis* e *blup*.

\mathbf{s}_{blupis} : desvio padrão para a variável *blupis*.

\mathbf{s}_{blup} : desvio padrão para a variável *blup*.

3.7.5 Correlação entre Caracteres

As correlações genotípicas entre pares de caracteres analisadas em nível de indivíduos (diâmetro e estatura de colmo, número de perfilhos por touceira, Brix (%) cana, massa média de um colmo, TCH e TBH, Pol (%) cana, Fibra (%) cana, ART (%) cana e Pureza (%) cana) foram calculadas a partir das médias genotípicas obtidas pelo BLUP individual analisados através do modelo 35, conforme descrito pela fórmula:

$$r_{ij} = \mathbf{s}_{ij} / \mathbf{s}_i \mathbf{s}_j$$

\mathbf{s}_{ij} : covariância genotípica entre o caractere i e j .

\mathbf{s}_i : desvio padrão genotípico para o caractere i .

\mathbf{s}_j : desvio padrão genotípico para o caractere j .

3.8 ANÁLISE DE DEVIANCE (ANADEV)

A análise de Deviance, também denominada de ANADEV é uma análise cujo objetivo é avaliar a significância dos efeitos do modelo estatístico no contexto da análise de modelos mistos por máxima verossimilhança residual (REML). Nesse sentido, é análoga à ANOVA, porém é adequada também ao caso de dados desbalanceados. A ANADEV baseou-se no teste da razão de verossimilhança (LRT), de acordo com procedimento relatado por Resende (2007b), sendo descrito abaixo:

- Obtenção do ponto de máximo (Log L) do logaritmo da função de verossimilhança residual (L) para o modelo, considerando e desconsiderando o efeito a ser testado.
- Obtenção da deviance ($D = -2 \log L$) para modelos com e sem o efeito a ser testado.
- Determinação da diferença entre as deviances para os modelos com e sem o efeito a ser testado, sendo obtido a razão de verossimilhança (LR);
- Teste, via LRT, da significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado (χ^2) com 1 grau de liberdade ou, alternativamente, mistura de distribuições com 1 grau de liberdade e com 0 grau de liberdade.

3.9 ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA

O estudo da divergência genética foi realizado por meio de técnica de análise multivariada, sendo adotado o método de distinção entre grupos ou agrupamentos aplicados sobre medidas de dissimilaridade entre genótipos, denominado Análise de Agrupamento. A análise genética para caracteres múltiplos, baseou-se nas seguintes premissas (RESENDE, 2007b):

- a) Os efeitos dos tratamentos considerados como aleatórios;

- b) Valores genotípicos ao invés de valores fenotípicos;
- c) Considerou o desbalanceamento dos dados;
- d) Análise da divergência juntamente com a predição dos valores genotípicos, pois os valores genotípicos são preditos com diferentes precisões, sendo considerado na análise.

Para atender o item (d), a técnica de análise multivariada (vários caracteres) foi realizada simultaneamente à predição dos valores genéticos obtidos por meio dos modelos mistos (REML/BLUP). A análise foi realizada no programa computacional Selegen REML/BLUP na opção “Análise Multivariada: Divergência genética e Agrupamento”, escolhendo o modelo 104 “Análise de agrupamentos genéticos: divergência genética”. Este modelo de análise gera uma matriz de valores genéticos preditos, os quais são utilizados para determinar a distância de Mahalanobis (RESENDE, 2002a; 2004; 2007b).

Utilizou-se a medida da distância estatística ou distância de Mahalanobis (1936) descrita por Cruz e Regazzi (1994), Cruz e Carneiro (2003) e Resende (2007b), pois considera as correlações entre as variáveis, sendo invariante aos efeitos de escala de medição dos caracteres. Dado os vetores de média de v variáveis para o indivíduo i , $u_i = (u_{i1}, u_{i2}, u_{i3}, \dots, u_{iv})'$ e para o indivíduo i' , $u_{i'} = (u_{i'1}, u_{i'2}, u_{i'3}, \dots, u_{i'v})$, bem como a matriz de covariâncias Σ entre as variáveis, com isso a distância de Mahalanobis é matematicamente dada por:

$$D_M = [(u_i - u_{i'})\Sigma^{-1}(u_i - u_{i'})]^{1/2}$$

A referida análise gera como resultado uma matriz das distâncias de Mahalanobis genéticas, entre os genitores utilizados nos cruzamentos biparentais. Para classificar os genótipos em grupos homogêneos, com base em suas distâncias genéticas de Mahalanobis, utilizou-se o método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952) fornecido pelo Selegen REML/BLUP. O método de Tocher corresponde à técnica mutuamente exclusivo, onde os grupos distintos não são conectados entre si. Matematicamente a inclusão ou não de genótipos dentro de grupos homogêneos é dada por (RESENDE, 2002a; 2007b):

- a) Inclusão do indivíduo k no grupo: se $D_{(ij)k}/n \leq \max$;
- b) Não inclusão do indivíduo k no grupo: se $D_{(ij)k}/n > \max$;

A quantidade de n refere-se ao número de indivíduos já alocados no grupo e $D_{(ij)k}$ é dado por $D_{(ij)k} = D_{ik} + D_{jk}$.

Por meio do método do vizinho mais próximo, método hierárquico foi gerado o gráfico de Dendrograma. Para isto, utilizou-se a matriz das distâncias genéticas de Mahalanobis gerada pelo programa computacional Selegen REML/BLUP (2002a; 2007b). Esta matriz genética foi utilizada para gerar o dendrograma, por meio do programa computacional Genes, na opção “Divergência Genética: Agrupamentos – Métodos Hierárquicos” (CRUZ, 2001).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

4.1.1 Caracteres Diâmetro e Estatura de Colmos, Número de Perfilhos por Touceira e Brix (%) Cana

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos para as variáveis diâmetro de colmos (cm), estatura de colmos (m), número de perfilhos por touceira e teor de Brix (%) cana, para as 80 famílias provenientes de cruzamentos biparentais de cana-de-açúcar, da série RB03, estão apresentados na Tabela 3. Pode ser observado nos resultados, que as variáveis com maior herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) foram Brix (%) cana (0,45), a estatura do colmo (0,31) e o diâmetro do colmo (0,23). Estes resultados indicam que a herdabilidade individual no sentido restrito para estes caracteres podem ser consideradas de média magnitude. Para a variável número de perfilhos por touceira a herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) foi de baixa magnitude (0,09). Corroborando neste entendimento Skinner et al. (1987), Bressiani (2001), Matsuoka et al. (2005) relatam que estes caracteres podem ser considerados de média a alta herdabilidade. De acordo classificação descrita por Resende (2002b) a herdabilidade pode ser considerada como de baixa magnitude quando $\hat{h}_a^2 < 0,15$, média magnitude entre $0,15 < \hat{h}_a^2 < 0,50$ e alta magnitude com $\hat{h}_a^2 > 0,50$. Ao observar os erros padrões para estes caracteres, verifica-se que houve baixa variação, pois o intervalo de confiança do erro ($1,96 \times \hat{h}_a^2$ da variável “estatura = 0,0199”), não foi superior a herdabilidade. Portanto, haveria a possibilidade de selecionar indivíduos dentro das famílias e com base nestas características. Diversos autores relataram que estes caracteres podem ser considerados de alta herdabilidade, sendo características importantes e normalmente utilizadas em uma seleção individual (SKINNER et al., 1987; BRESSIANI, 2001; JACKSON e MCRAE, 2001; MATSUOKA et al., 2005; JACKSON, 2005).

TABELA 3 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos¹⁻², para as variáveis: diâmetro de colmo (cm), estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, de 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Parâmetros ¹	Diâmetro (cm)	Estatura (m)	Nº perfilhos/ touceira	Brix (%) cana
s_a^2	0,04289	0,06953	3,51999	2,06694
s_{par}^2	0,00880	0,02245	0,16603	0,48592
s_d^2	0,01166	0,03397	0,61899	0,64844
s_{bl}^2	0,00223	0,00107	1,20355	0,00487
s_e^2	0,12020	0,09405	32,06929	1,33047
s_y^2	0,18577	0,22108	37,57785	4,53664
\hat{h}_a^2	0,23085 ± 0,031	0,31452 ± 0,036	0,09367 ± 0,019	0,45561 ± 0,044
\hat{h}_g^2	0,48186	0,92916	0,15956	1,02735
c_{par}^2	0,04735	0,10155	0,00442	0,10711
c_{fam}^2	0,06275	0,15366	0,01647	0,14293
c_{bloc}^2	0,01200	0,00486	0,03203	0,00107
Média Geral	2,23247	2,03868	8,42058	20,18828
s_p^2	0,02367	0,03584	2,96355	1,03834
\hat{h}_{mf}^2	0,83753	0,83530	0,80677	0,87786
PEV	0,00385	0,00590	0,57264	0,12682
SEP	0,06202	0,07683	0,75673	0,35612
Ac_{fam}	0,91516	0,91395	0,89820	0,93694
$CV_{gi}(\%)$	6,89186	9,28606	20,44391	5,04744
$CV_e(\%)$	6,78758	9,22017	22,37220	4,20981
CVr	1,01536	1,00715	0,91381	1,19897

Nota¹ - Herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), herdabilidade da média da família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2), variância genética aditiva (s_a^2), variância entre parcelas (s_{par}^2), variância genética de dominância entre famílias (s_d^2), variância entre blocos (s_{bl}^2), variância residual entre parcelas (s_e^2), variância fenotípica individual (s_y^2), coeficiente de determinação dos efeitos das parcelas (c_{par}^2), coeficiente de determinação dos efeitos das famílias (c_{fam}^2), coeficiente de determinação dos efeitos do bloco (c_{bloc}^2), variância genotípica entre famílias (s_p^2), variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV), desvio padrão do valor genotípico predito (SEP), acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}), coeficiente de variação genética ($CV_{gi}(\%)$), coeficiente de variação ambiental ($CV_e(\%)$), coeficiente de variação relativa (CV_r) e Média Geral.

Nota² - Dados sobre análise de DEVIANCE, estão apresentados nos Anexos 2, 3, 4 e 5.

Entretanto, ao considerar as respectivas herdabilidades no sentido restrito ($<0,50$) e as herdabilidades ao nível de famílias, nota-se que as referidas herdabilidades \hat{h}_{mf}^2 foram $>0,70$. Estes resultados evidenciam que existe vantagem em usar informação da família, portanto o uso das informações de parentes (maior número de informações) permite elevar a acurácia da classe, ressaltando a importância de trabalhar com métodos de seleção mais elaborados (RESENDE, 2002b).

Ao considerar os parâmetros para as famílias, Resende (2002b) relata a importância em utilizar informações de progênies e parentes, pois haveria maior número de informações, permitido elevar a acurácia seletiva da variável de seleção de baixa para moderada. Em situações onde a \hat{h}_a^2 for $>0,50$, praticamente não existiria vantagem no uso da informação de família e a seleção com base apenas na informação de indivíduo já propiciaria uma acurácia alta ($>0,70$).

Outro ponto importante para a seleção é a presença de variabilidade genética na população. Pode ser observado pelos resultados apresentados na Tabela 3, que a variável número de perfilhos por touceira, apresentou variação genética de 20,44%. Para as variáveis diâmetro de colmo, estatura de colmo e Brix (%) cana, esta variação genética foi inferior ($CV_{gi}(\%) <10$), indicando que a seleção com base apenas nestes três caracteres pode ser restrita, devido a baixa presença de variabilidade genética. Entretanto, ao considerar o coeficiente de variação relativa ($CV_{r=1,19}$) para Brix (%) cana, nota-se que grande parte da variação foi genética ($CV_{gi}\%=5,04$). Paiva et al. (2002) citam que para haver sucesso no melhoramento de uma espécie é fundamental a presença de variabilidade genética, lembrando ainda, que fatores como: método de seleção adotado, as correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres, o tipo de ação gênica envolvida e a precisão experimental, influenciam neste processo.

Considerando o coeficiente de determinação dos efeitos das famílias (c_{fam}^2), apresentado na Tabela 3, observa-se que em geral foram significativos, conforme pode ser comprovado pela análise de Deviance apresentada nos Anexos 2, 3, 4 e 5. Estes valores representam a estimativa da variação genética entre famílias, indicando que para a variável estatura de colmo e Brix (%) cana, parte desta variação encontra-se entre famílias. Já para as variáveis diâmetro de colmo e número de perfilhos por touceira este efeito pode ser considerado desprezível, para o presente trabalho.

4.1.2 Caracteres Massa Média de Colmo, TCH e TBH

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos para as variáveis massa média de colmo, TCH e TBH, estão apresentadas na Tabela 4. Considerando a herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) para estes caracteres, nota-se que apenas a massa média de colmo foi de baixa magnitude (0,11). Já para os caracteres TCH e TBH, a herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) foi de moderada magnitude (0,22 e 0,22, respectivamente), sendo que os referidos erros padrões foram de pequena magnitude (1,96 x 0,03), permitindo que as referidas herdabilidades não fossem consideradas nulas, pelos limites dos intervalos de confiança, fato que indicaria ausência de variabilidade para estas características de seleção. Bressiani (2001), Kimbeng e Cox (2003) e Barbosa et al. (2004) ao avaliarem famílias de cana-de-açúcar relataram herdabilidade individuais semelhantes para estas características de produção. Estes autores relatam que as variáveis de baixa a moderada herdabilidade, como as variáveis de produção (TCH e TBH), são importantes caracteres a serem considerados nas fases iniciais de um programa de melhoramento em cana-de-açúcar. Entretanto, para haver a seleção nas fases iniciais de melhoramento, baseadas nestes caracteres de produção, devem-se adotar métodos que possibilitem a utilização destas informações. Cox e Hogarth (1993), Bressiani (2001), e Barbosa et al. (2004) relatam a importância em se utilizar a seleção de famílias em cana-de-açúcar, pois haveria maior probabilidade de encontrar indivíduos promissores para características de baixas herdabilidades individuais, a partir das primeiras etapas do melhoramento genético.

De maneira geral, observam-se a presença de variabilidade genética para as variáveis massa média de colmo, TCH e TBH, pois os respectivos $CV_{gi}(\%)$ foram superiores a 10% (18,95%, 36,02% e 36,43%, respectivamente). Estes resultados evidenciam a possibilidade de seleção de famílias com base nestas características, devido a presença de variabilidade genética.

Ao considerar as herdabilidades médias de famílias para as variáveis massa média de colmo, TCH e TBH, ressalta-se que as suas respectivas herdabilidades apresentaram magnitude alta, variando entre 0,73 a 0,74, conforme resultados apresentados na Tabela 4. Para estes caracteres de seleção, os coeficientes de determinação dos efeitos das famílias (c_{fam}^2) são considerados significativos, conforme análise de Deviance apresentada nos Anexos 6, 7 e 8. Os resultados indicam haver variabilidade genética entre as famílias de irmãos germanos, sendo possível selecionar as melhores famílias com base nestas características de produção.

TABELA 4 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos¹⁻², para as variáveis: massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH), de 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Parâmetros ¹	Massa média de colmo (kg)	TCH	TBH
s_a^2	0,03559	955,85298	42,78793
s_{par}^2	0,00541	743,71513	31,29824
s_d^2	0,02721	421,65362	19,81997
s_{bl}^2	0,00055	88,28056	3,20544
s_e^2	0,25363	2093,99111	94,00578
s_y^2	0,32238	4303,49339	191,11735
\hat{h}_a^2	0,11039 ± 0,021	0,22211 ± 0,031	0,22388 ± 0,031
\hat{h}_g^2	0,44797	0,61403	0,63871
c_{parc}^2	0,01677	0,17282	0,16377
c_{fam}^2	0,08440	0,09798	0,10371
c_{bloc}^2	0,00172	0,02051	0,01677
Média Geral	0,71450	66,04878	13,61190
s_p^2	0,01835	566,20705	24,59940
\hat{h}_{mf}^2	0,73810	0,73880	0,74168
PEV	0,00480	147,89381	6,35447
SEP	0,06932	12,16116	2,52081
Ac _{fam}	0,85913	0,85953	0,86121
CV _{gi} (%)	18,95730	36,02656	36,43708
CV _e (%)	25,25040	47,89962	48,08359
CV _r	0,75077	0,75213	0,75779

Nota¹ - Herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), herdabilidade da média da família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2), variância genética aditiva (s_a^2), variância entre parcelas (s_{par}^2), variância genética de dominância entre famílias (s_d^2), variância entre blocos (s_{bl}^2), variância residual entre parcelas (s_e^2), variância fenotípica individual (s_y^2), coeficiente de determinação dos efeitos das parcelas (c_{parc}^2), coeficiente de determinação dos efeitos das famílias (c_{fam}^2), coeficiente de determinação dos efeitos do bloco (c_{bloc}^2), variância genotípica entre famílias (s_p^2), variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV), desvio padrão do valor genotípico predito (SEP), acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}), coeficiente de variação genética (CV_{gi}%), coeficiente de variação ambiental (CV_e%), coeficiente de variação relativa (CV_r) e Média Geral.

Nota² - Dados sobre análise de DEVIANCE, estão apresentados nos Anexos 6, 7 e 8.

Outro parâmetro que indica haver variabilidade genética é o $CV_{gi}(\%)$, que foi superior a 10%, para estes caracteres. Estes dados indicam que a seleção de famílias superiores, se baseando em caracteres de produção, como a seleção para TCH e TBH, pode ser uma estratégia a ser adotada em estágios iniciais, como a seleção de T1. Barbosa et al. (2005) ao realizar a seleção de famílias e genitores em ciclo de cana-soca, relatam a importância da seleção de famílias superiores para caracteres de baixa herdabilidade como TCH, pois em famílias superiores haveria maior probabilidade de encontrar genótipos elites, para estas características de seleção. Uma forma de explorar estas famílias superiores seria produzindo maior quantidade de sementes em novos ciclos de cruzamentos, explorando o potencial destas famílias testadas (BARBOSA et al., 2004; RESENDE e BARBOSA, 2005).

A variância genética entre as famílias observada para as variáveis massa média de colmo, TCH e TBH, pode ser explicada tanto pelos efeitos genéticos aditivos como também pelos efeitos genéticos de dominância (TABELA 4), como por exemplo para a variável TBH ($s_a^2 = 42,78^{**}$ e $s_d^2 = 19,81^{**}$), pois estes foram significativos conformes resultados da análise de Deviance apresentados no Anexo 6, 7 e 8. Estes resultados indicam elevado efeito heterótico entre as famílias estudadas, e possivelmente a presença de combinações híbridas superiores a média de produção baseada na capacidade geral de combinação dos genitores envolvidos nos respectivos cruzamentos, conforme relatam Bastos et al. (2003) e Barbosa et al. (2005). Resende e Barbosa (2005) relatam que os efeitos genotípicos das famílias híbridas são dadas por $(1/2)(\hat{a}_i + \hat{a}_j) + \hat{c}_{ij}$, onde \hat{a}_i e \hat{a}_j referem-se aos valores genéticos aditivo do genitor i e j , e \hat{c}_{ij} corresponde a capacidade específica de combinação (CEC), entre os dois genitores envolvidos no cruzamento (i e j). De acordo com as estimativas genéticas, verifica-se a presença de cruzamentos entre genitores com elevada capacidade de combinação, quando a média da família tende a ser superior a média dos respectivos genitores, como pode ser observado para as famílias 449 e 1910, oriundas dos cruzamentos RB825336 e SP80-1816, e RB825548 e RB855156, respectivamente, para variáveis TCH e TBH. Estes dados permitem relatar a possibilidade de se encontrar cruzamentos entre genitores com alto valor genotípico do cruzamento, portanto, alta capacidade específica de combinação (CEC). Importante considerar ainda, que os genótipos não foram avaliados em um experimento de dialelo completo, pois não foram avaliados todos os possíveis cruzamentos entre os genitores utilizados para o estudo de famílias. Entretanto, o procedimento usado para estimar os parâmetros genéticos foi o BLUP (RESENDE, 2002b).

Considerando ainda a variância genética observada para as variáveis TCH e TBH, verifica-se que parte desta variância também foi explicada em função dos efeitos genéticos aditivos dos genitores utilizados nos cruzamentos biparentais. Estes resultados indicam que a utilização de genitores com elevado valor genético aditivo, pode contribuir para obtenção de progênes para estas características, o que possibilitaria maior probabilidade de encontrar indivíduos para estas características de produção (TCH e TBH).

O efeito genético aditivo e não aditivo em populações de cana-de-açúcar depende de propriedades genéticas como a frequência de alelos, a complementariedade e a divergência genética (BARBOSA et al., 2005). Vários autores (MARIOTTI et al., 1999; BRESSIANI, 2001; BRESSIANI et al., 2002; BARBOSA et al., 2004; BARBOSA et al., 2005) relatam que os efeitos aditivos são superiores aos efeitos não aditivos, que determinam a capacidade específica de combinação. Bastos et al. (2003) observaram o maior efeito da capacidade específica de combinação para o caráter tonelada de colmos por hectare (TCH), corroborando os resultados da Tabela 4, pois as variáveis TCH e TBH, foram explicadas tanto pela variância genética aditiva como principalmente pela variância genética de dominância. A massa média de colmo também foi explicada pela variância genética aditiva e não aditiva. Bastos et al. (2003) ao avaliarem 44 cruzamentos provenientes de oito genitores, observaram que para a variável massa média de colmo o efeito foi explicado tanto pela variação genética aditiva com pela variação genética de dominância, sendo considerados igualmente importantes, corroborando com os resultados obtidos no presente estudo.

4.1.3 Caracteres Pol (%) Cana, ART (%) Cana, Fibra (%) Cana e Pureza (%) Cana

As estimativas dos componentes de variância e parâmetro genéticos para as variáveis tecnológicas pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana analisados no estudo de famílias estão apresentados na Tabela 5. As herdabilidades individuais no sentido restrito foram de magnitudes moderadas, sendo que os respectivos erros padrões foram elevados ($1,96 \times \hat{h}_a^2$) para as variáveis fibra e pureza. Uma possível explicação para estas herdabilidades baixas pode ser devido ao fato de terem sido considerados menor número de repetições e em nível de famílias para análise destas características tecnológicas. Porém os resultados das herdabilidades médias de famílias no sentido amplo, foi alta magnitude, com valores variando de 0,72 (\hat{h}_m^2) para a variável pureza (%) cana à 0,86 para fibra (%) cana. Nota-se ainda presença de efeito genético aditivo e de

dominância para as variáveis pol, ART e pureza, com exceção da variável fibra (%) cana que foi explicada em função dos efeitos genéticos de dominância, conforme pode ser observado pelos análise de Deviance apresentadas nos Anexos 9, 10, 11 e 12.

Os coeficientes de determinação dos blocos e das famílias foram significativos, indicando haver variabilidade entre blocos e famílias, para as variáveis pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana. Portanto, parte da variação se encontra entre as famílias. Outro fator que aponta neste sentido, refere-se a variância genética que é explicada em função dos efeitos genéticos aditivos e de dominância, para pol (%) cana, ART (%) cana e pureza (%) cana. Entretanto, verifica-se que as variáveis apresentadas na Tabela 5 (pol, ART, fibra e pureza) apresentaram baixa variabilidade genética e ambiental, sendo inferir a 10%. Nota-se ainda, que a variância genética para as respectivas variáveis foram superiores à variância ambiental, principalmente para as variáveis pol, ART e fibra, que tiveram maior variação genética, pois o coeficiente de variação relativa (CV_r) foi 1,36, 1,29 e 1,43, respectivamente.

Os resultados de pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana podem explicados devido ao caráter de seleção considerado, ou seja, para esse conjunto de caracteres tecnológicos pode haver baixa variabilidade genética entre as progênies estudadas. Isto pode ter ocorrido devido as respectivas progênies serem provenientes de genitores que possuem uma base genética muito estreita em si. Trabalhos em cana-de-açúcar apontam nesta direção (DANIELS e ROACH, 1987; SILVA et al., 2005; JACKSON, 2005). Silva et al. (2005) ao estudar a diversidade genética, relataram que haveria baixa variabilidade em clones da série RB91, testados no Município de Paranavaí e Campo Mourão, Estado do Paraná. De acordo com os autores, os clones testados na série teriam uma base genética estreita, conduzindo à inclusão de um grande número de clones no mesmo grupo de divergência, através de técnicas como Tocher e Variáveis canônicas. De acordo com Barbosa et al. (2004) em populações mais próximas geneticamente a variância genética aditiva tende a ter maior importância, para explicar os efeitos genéticos. De acordo com os resultados apresentados na Tabela 5, verificou-se que os efeitos genéticos das variáveis pol, ART e pureza, também foram explicados pelos efeitos genéticos aditivos. Outra hipótese que explicaria os resultados obtidos, seria em função da amostra representar a média das parcelas amostradas para cada família. Neste sentido, uma forma de estudar se a variabilidade existente entre famílias seria a avaliação a nível individual, o que proporcionaria maior número de repetições para todas as famílias testadas. Entretanto, estas variáveis são de difícil mensuração, uma vez que amostras individuais devem ser analisadas em laboratório.

TABELA 5 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos^{1,2}, para as variáveis: pol (%) cana, açúcares redutores totais – ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana, de 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Parâmetros ¹	Pol (%) cana	ART (%) cana	Fibra (%) cana	Pureza (%) cana
s_a^2	0,7342	0,5148	0,0185	4,5859
s_{bl}^2	0,3868	0,3755	0,4425	16,7408
s_d^2	0,4355	0,3683	1,0383	1,9828
s_e^2	0,0648	0,1160	0,4979	2,4643
s_y^2	1,6214	1,3746	1,9972	25,7738
\hat{h}_a^2	0,4528 ± 0,170	0,3745 ± 0,155	0,0093 ± 0,024	0,1779 ± 0,107
\hat{h}_g^2	1,5273	1,4463	2,0887	0,4856
c_{bloc}^2	0,2386	0,2732	0,2216	0,6495
c_{fam}^2	0,2686	0,2680	0,5199	0,0769
\hat{h}_{mf}^2	0,8479	0,8341	0,8610	0,7295
Média Geral	13,2040	14,8273	11,5569	83,4387
s_p^2	0,8026	0,6257	1,0475	4,2757
PEV	0,1221	0,1038	0,1456	1,1567
SEP	0,3494	0,3222	0,3815	1,0755
Ac_{fam}	0,9208	0,9133	0,9279	0,8541
$CV_{gi}(\%)$	6,7850	5,3349	8,8561	2,4782
$CV_e(\%)$	4,9773	4,1211	6,1622	2,6140
CVr	1,3632	1,2945	1,4372	0,9480

Nota¹ - Herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), herdabilidade da média da família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2), variância genética aditiva (s_a^2), variância entre blocos (s_{bl}^2), variância genética de dominância entre famílias (s_d^2), variância residual entre parcelas (s_e^2), variância fenotípica individual (s_y^2), variância genotípica entre famílias (s_g^2), variância genotípica entre famílias (s_p^2), coeficiente de determinação dos efeitos do bloco (c_{bloc}^2), coeficiente de determinação dos efeitos das famílias (c_{fam}^2), variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV), desvio padrão do valor genotípico predito (SEP), acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}), coeficiente de variação genética ($CV_{gi}(\%)$), coeficiente de variação ambiental ($CV_e(\%)$), coeficiente de variação relativa (CV_r) e Média Geral.

Nota² - Dados sobre análise de DEVIANCE, estão apresentados nos Anexos 9, 10, 11 e 12.

4.2 SELEÇÃO DE FAMÍLIAS

Os valores genotípicos das famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar da série RB03, considerando as variáveis diâmetro de colmo, estatura de colmos, número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, estão apresentados na Tabela 6. De acordo com os

resultados, verifica-se que as famílias 435, 6143, 4620, 491 e 154, apresentaram elevados valores genotípicos, para a variável diâmetro de colmos, ficando entre as cinco melhores famílias avaliadas. Portanto, verifica-se que as famílias 435, 6143, 4620, 491 e 154 tiveram elevados valores genotípicos, apresentado superioridade média de 13,4% em relação à média experimental (2,23 cm). Considerando a média das 34 melhores famílias para a variável diâmetro de colmo, observa-se que o ganho esperado com a seleção entre famílias é de 4,93%. Isto representa uma seleção de 42,5% das famílias testadas, com ganho acima da média que foi de 2,23 cm. Corroborando com estes resultados, Cox et al. (2000) ao proporem a seleção seqüencial em cana-de-açúcar, indicaram que porcentagem de seleção entre famílias seria em torno de 40%.

Ao considerar os valores genotípicos das famílias para a variável estatura de colmos (TABELA 6), observa-se que seis famílias (449, 4846, 6748, 4341, 435, 2433) obtiveram valores superiores. Considerando a melhor família 449, originada do cruzamento RB825336 e SP80-1816, nota-se superioridade de 22,21% em relação à média. Estes resultados indicam haver maior probabilidade em selecionar clones potenciais para este caractere, dentro destas famílias. Esta maior probabilidade de seleção pode ser explicada pelos valores individuais dos genótipos, pois estes contribuíram para o valor genotípico da família (RESENDE, 1991; COX e HOGARTH, 1993). Com base nas seis melhores famílias para esta variável e que tiveram valores genotípicos elevados, verifica-se possibilidade de ganho médio em torno de 18% e considerando as famílias acima da media geral (2,04m) este ganho médio seria em torno de 6,91%. Isto equivaleria a possibilidade um ganho em estatura equivalente a ± 14 cm, com um ciclo de seleção. Para esta característica foram observadas 41 famílias com valores genotípicos acima da média, o que representa uma taxa de seleção de 51,25% entre as famílias avaliados no presente trabalho.

Ao considerar as famílias com menores valores genotípicos de cruzamento (TABELA 6) destacam-se as seguintes famílias para a variável diâmetro de colmo: 5140, 1340, 1923, 1712, 6542 e 3238, e para estatura de colmos: 1712, 3238, 232, 534, 3011 e 6136. Sendo que entre estas, as famílias 3238 e 1712 foram comum entre as piores para estas duas variáveis. Estes resultados evidenciam o baixo valor genotípico destes cruzamentos, considerando estes caracteres de seleção.

TABELA 6 - Valores genotípicos (Vgf) e média geral das 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis diâmetro de colmo (cm), estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Clas ¹	Diâmetro (cm)		Estatura (m)		Nº perfilho/touceira		Brix (%) cana	
	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf
1	435	2,549	449	2,627	449	12,317	6219	22,231
2	6143	2,540	4846	2,581	1417	11,621	5222	22,043
3	4620	2,526	6748	2,550	1910	11,413	435	21,892
4	491	2,525	4341	2,416	4419	10,846	4426	21,734
5	154	2,504	435	2,400	6114	10,669	4948	21,675
6	4929	2,477	2433	2,385	5811	10,644	4419	21,554
7	497	2,469	3946	2,375	1714	10,607	232	21,506
8	216	2,455	4620	2,333	6645	10,558	2715	21,501
9	556	2,427	3528	2,329	6013	10,371	3528	21,468
10	3946	2,426	2731	2,327	6219	10,185	4341	21,445
11	449	2,417	2432	2,259	1727	9,971	4846	21,442
12	566	2,415	3224	2,258	6542	9,969	2822	21,418
13	318	2,382	4522	2,243	1340	9,957	4929	21,296
14	4331	2,366	497	2,241	4426	9,907	4620	21,284
15	4341	2,365	4948	2,239	578	9,887	2812	21,265
16	1835	2,361	491	2,236	1217	9,686	4130	21,208
17	524	2,354	2324	2,219	4341	9,449	6748	21,206
18	6645	2,340	6013	2,216	2812	9,153	1527	21,202
19	5811	2,340	1835	2,215	6147	9,071	6645	21,161
20	4639	2,328	4426	2,205	1527	8,993	6143	21,144
21	4522	2,305	2835	2,189	2146	8,909	449	21,133
22	546	2,301	4929	2,185	4422	8,833	4422	21,120
23	3011	2,292	4130	2,165	534	8,812	2146	21,092
24	4130	2,285	6222	2,162	4331	8,704	514	21,074
25	514	2,283	503	2,158	4537	8,661	4921	21,062
26	2731	2,279	5222	2,154	566	8,626	524	20,994
27	2835	2,266	6114	2,148	318	8,612	1727	20,977
28	3518	2,265	578	2,126	1712	8,523	6147	20,893
29	1910	2,264	4422	2,123	2731	8,494	2432	20,844
30	3528	2,263	3518	2,121	435	8,477	2433	20,755
31	3224	2,252	3425	2,114	4921	8,451	497	20,725
32	6122	2,236	2146	2,106	1837	8,424	154	20,719
33	5911	2,235	4331	2,102	1937	8,423	1217	20,615
34	2432	2,234	5140	2,098	3946	8,420	1910	20,593
35	4426	2,229	1340	2,093	6137	8,303	4331	20,435
36	4846	2,225	2715	2,087	5140	8,292	1340	20,389
37	6222	2,220	1837	2,069	524	8,275	2835	20,380

TABELA 6 – Continua...

38	6968	2,217	6122	2,062	154	8,256	2324	20,364
39	1217	2,217	6143	2,053	491	8,252	1835	20,338
40	534	2,216	4921	2,052	4130	8,164	1923	20,337
41	6013	2,208	154	2,048	2835	8,087	3224	20,297
42	4948	2,203	1727	2,039	514	8,041	3518	20,245
43	1714	2,197	1910	2,024	216	8,024	5811	20,241
44	4934	2,196	4419	2,022	6143	7,980	5140	20,240
45	5222	2,192	4934	2,016	4929	7,978	566	20,225
46	4537	2,186	4639	2,011	2715	7,935	3238	20,207
47	6116	2,184	318	1,993	3425	7,920	6116	20,202
48	4422	2,183	6645	1,991	497	7,834	6968	20,124
49	2146	2,183	2822	1,986	6116	7,831	3425	20,044
50	2324	2,181	1937	1,962	4620	7,791	5911	20,003
51	2715	2,175	6219	1,960	2433	7,743	3946	19,969
52	503	2,171	6968	1,958	1923	7,700	1712	19,913
53	1527	2,170	6116	1,945	1835	7,628	4722	19,797
54	2433	2,166	5811	1,942	3011	7,517	4934	19,791
55	578	2,165	524	1,938	503	7,501	578	19,748
56	1727	2,157	2812	1,933	556	7,477	1417	19,722
57	6748	2,156	2423	1,918	6748	7,441	3011	19,688
58	2812	2,154	6147	1,917	4948	7,381	6222	19,684
59	4921	2,143	6137	1,900	6122	7,307	4522	19,672
60	6423	2,141	216	1,900	2432	7,300	6122	19,669
61	6137	2,136	566	1,879	5911	7,221	503	19,372
62	2822	2,127	1417	1,869	546	7,206	6114	19,341
63	6114	2,122	6542	1,859	3528	7,188	2423	19,338
64	1417	2,116	1527	1,853	2423	7,187	491	19,331
65	6136	2,111	546	1,850	4639	7,185	6423	19,289
66	6147	2,111	4537	1,849	2324	7,159	6542	19,183
67	1837	2,103	6423	1,843	2822	7,147	318	19,178
68	1937	2,095	1217	1,832	4522	7,137	1714	19,030
69	3425	2,078	1714	1,774	6136	7,104	216	18,965
70	4419	2,041	5911	1,739	4934	7,054	6013	18,926
71	2423	2,034	556	1,734	232	7,022	534	18,850
72	4722	2,023	514	1,725	3224	6,950	2731	18,450
73	6219	2,017	1923	1,701	4846	6,904	6137	18,402
74	232	1,970	4722	1,686	6423	6,791	1937	18,286
75	5140	1,961	1712	1,681	5222	6,751	556	17,959
76	1340	1,955	3238	1,644	3518	6,738	1837	17,931
77	1923	1,927	232	1,594	4722	6,706	4537	17,715
78	1712	1,913	534	1,549	6968	6,631	4639	17,573
79	6542	1,886	3011	1,509	3238	6,419	6136	17,544
80	3238	1,842	6136	1,412	6222	6,395	546	16,681
Média Geral		2,23		2,04		8,42		20,19

Nota ¹ – Classificação das famílias de acordo com a variável avaliada.

Os valores genotípicos das famílias para as variáveis números de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, estão apresentados na Tabela 6. Para a variável número de perfilhos por touceira foi observado 33 famílias com valores genotípicos acima da média

(8,42). A seleção dessas 33 famílias proporcionaria um ganho médio de 11,30%. Este ganho seria obtido considerando 41,25% das famílias avaliadas no presente trabalho. As famílias que mais se destacaram para a variável número de perfilhos foram 449, 1417, 1910, 4419, 6114 e 5811. Destas, a família 449 foi também a melhor para estatura de colmos, 11^a para o diâmetro e 21^a para o Brix (%) cana (TABELA 6). Considerando estas informações e a sua importância para o melhoramento genético da cana-de-açúcar, verifica-se a maior probabilidade de ser obtidos genótipos superiores para diâmetro, estatura, número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, ao realizar a seleção individual dentro da família 449 (RB825336 e SP80-1816).

Os valores genotípicos das melhores famílias para o teor de Brix (%) cana, apresentados na Tabela 6, indicam haver 46 famílias com valores genotípicos acima da média geral (20,19) e com potencial de terem maior precocidade, uma vez que a avaliação de Brix (%) cana foi em época precoce para o Estado do Paraná. A seleção entre estas 46 famílias proporcionaria um ganho médio de 3,47%, sendo que estas famílias representam 57,5% das famílias avaliadas. Entre as melhores, observa-se que a família 6219, proveniente do cruzamento RB855156 e RB925453, e com maior valor genotípico para a variável Brix (%) cana, obteve baixos valores genotípicos para os caracteres estatura e diâmetro de colmos. Já para número de perfilhos por touceira, obteve o 10^o lugar. Considerando o potencial desta família em indicar genótipos superiores em produtividade, nota-se que para o caráter TCH a família obteve a 20^a classificação. Entretanto como esta família apresentou elevado potencial para o Brix (%) cana, quando considerado a produtividade em Brix por hectare, nota-se que esta classificação melhorou para o 15^o lugar. Corroborando neste entendimento, diversos autores citam a presença de correlação negativa entre o conteúdo de açúcar, expresso aqui em Brix (%) cana, e a produção de biomassa, expresso por massa de colmo e TCH, sendo considerada uma correlação negativa (HOGARTH, 1971b; JACKSON, 1994; COX e STRINGER, 1998; KIMBENG et al., 2001a; KIMBENG e COX, 2003; JACKSON, 2005). Hogarth (1971b) relatou que a correlação negativa é de baixa magnitude (<0,3). Portanto, a seleção com base apenas no Brix (%) cana, tenderia a causar a seleção de clones potenciais para produção de açúcar, porém com níveis de produtividades inferiores. Bastos et al. (2003), ao realizar análise dialéctica em clones de cana-de-açúcar, observaram que o genitor IAC86-2210, possibilitou elevado Brix (%) cana em suas progênies, porém o mesmo não ocorreu para produtividade, sendo considerado não indicado quando o objetivo fosse elevar a produtividade de progênies de cana-de-açúcar.

Para a variável Brix (%) cana, verificou-se que a família 435, obtida a partir do cruzamento RB735200 e SP77-5181, também manifestou comportamento semelhante à família 6219, entretanto com melhores valores genotípicos para as variáveis TCH e TBH. Esta família apresentou valor genotípico de Brix (%) cana de 21,89, ficando entre as nove melhores famílias para as variáveis TCH e TBH. Estes resultados evidenciam o bom potencial a ser explorando, visando a seleção de clones para a maior produção de açúcar por hectare dentro desta família.

Os valores genotípicos das famílias de irmãos germanos da série RB03, para as variáveis massa média de colmo (kg), tonelada de colmo por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH), estão apresentados na Tabela 7. Foram identificadas 39 famílias com valores genotípicos dos cruzamentos acima da média (0,71 kg) para a variável massa média de colmo. Isto representaria a seleção de 48% das famílias avaliadas. Considerando o ganho de seleção para os valores genotípicos das famílias para massa média de colmo, relata-se que o ganho previsto com a seleção das 48% melhores famílias selecionadas seria em torno 15%.

Para TCH observam-se cinco famílias com elevado valor genotípico de cruzamento (449, 4341, 1910, 6645 e 435). Nota-se ainda que a família 449 obteve os melhores valores genotípicos também para as variáveis: estatura de colmos e número de perfilhos por touceira (TABELA 6), TCH e TBH (TABELA 7). Esta família revela o bom potencial em conter genótipos superiores, visando o melhoramento genético em produtividade de biomassa (TCH) e de açúcar (TBH), podendo ser explorado em novos plantios das famílias selecionadas com posterior seleção dentro destas, conforme relata Resende e Barbosa (2005).

Ao considerar as cinco famílias que mais se destacaram para massa média de colmo (kg), 449, 4341, 1910, 6645 e 435), observa-se que as famílias 449 e 4341 tiveram elevados valores genotípicos para TCH. Enquanto que três não apresentaram a mesma performance (1417, 1910 e 6114). Estes resultados podem ser explicados pela correlação genotípica positiva e com magnitude de 0,46 (TABELA 9). Entretanto a seleção apenas com base em massa média de colmo, poderá proporcionar baixa eficiência em indicar genótipos superiores para TCH. Uma alternativa de seleção seria a combinação de caracteres que estejam correlacionados com a produtividade, como estatura ($r=0,41$), número de perfilhos/touceira ($r=0,58$) e massa média de colmo ($r=0,46$).

TABELA 7 - Valores genotípicos (Vgf) e média geral das 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Clas ¹	Massa média de colmo (kg)		TCH		TBH	
	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf
1	449	1,334	449	171,478	449	36,653
2	4341	1,084	1910	137,789	1910	29,320
3	1910	1,083	6645	118,427	6645	25,387
4	6645	1,079	5811	114,889	5811	23,745
5	435	1,077	1417	112,047	4341	22,948
6	1217	1,027	6114	105,509	1417	22,269
7	5811	0,965	4341	105,347	1217	21,004
8	6114	0,958	1217	99,403	6114	20,643
9	491	0,949	435	90,721	435	20,039
10	1727	0,943	6013	90,556	1727	19,068
11	497	0,927	578	90,127	4426	18,974
12	3946	0,911	1727	89,916	4419	18,396
13	4422	0,901	4426	87,445	578	17,835
14	4620	0,883	4419	85,802	6013	17,668
15	1417	0,879	1340	84,732	6219	17,639
16	1340	0,855	4422	81,572	1340	17,564
17	4331	0,852	1714	81,005	4422	17,358
18	578	0,852	3946	80,075	6147	16,626
19	6147	0,849	6147	78,506	2812	16,606
20	6013	0,847	6219	78,353	3946	16,509
21	4426	0,846	4331	78,169	4331	15,980
22	2812	0,800	491	77,575	1714	15,882
23	4929	0,794	6542	76,857	6542	15,699
24	1835	0,785	2812	76,362	497	15,379
25	6143	0,785	497	72,833	491	15,300
26	2731	0,776	2146	70,401	2146	14,948
27	3425	0,773	4620	67,909	4620	14,582
28	2835	0,761	566	67,266	4929	14,165
29	2146	0,749	4537	66,488	2835	14,069
30	4921	0,747	2835	66,317	566	13,837
31	154	0,747	4929	65,854	4921	13,576
32	1714	0,743	2731	65,628	524	13,534
33	4948	0,734	524	65,572	4130	13,108
34	566	0,730	1835	64,060	1835	13,090
35	524	0,729	3425	63,239	3425	13,068
36	4130	0,725	4921	63,172	6143	13,026
37	4419	0,723	318	62,907	154	13,005

TABELA 7 – Continua...

38	4522	0,719	4130	61,991	1527	12,590
39	6219	0,711	154	61,798	2731	12,476
40	2715	0,696	6143	61,318	318	12,349
41	318	0,695	1527	59,074	4537	12,282
42	6542	0,689	1837	58,754	4948	12,031
43	4846	0,688	534	56,919	6748	11,567
44	6748	0,684	4948	56,493	2433	11,448
45	556	0,683	2433	55,142	2715	11,376
46	2433	0,670	4522	54,215	534	11,028
47	4537	0,667	6748	54,057	4522	10,875
48	1837	0,658	1937	54,012	1837	10,838
49	3528	0,634	2715	53,146	2432	10,493
50	2324	0,629	556	51,618	1937	10,374
51	2432	0,618	5140	50,415	5140	10,271
52	1937	0,613	2432	50,016	3528	10,204
53	4934	0,599	1712	49,465	4846	10,056
54	1527	0,592	6137	48,367	514	9,999
55	4639	0,592	3528	47,962	1712	9,782
56	503	0,588	514	47,093	2822	9,740
57	6122	0,585	6116	46,973	556	9,557
58	5222	0,583	4846	46,930	2324	9,530
59	3518	0,580	2324	46,921	6116	9,491
60	5140	0,574	503	45,745	5222	9,099
61	2822	0,572	216	45,222	6122	9,049
62	534	0,564	4639	44,965	6137	9,042
63	6137	0,552	6122	44,945	503	8,932
64	3224	0,547	2822	44,839	216	8,807
65	2423	0,547	4934	43,223	4934	8,782
66	6116	0,546	3224	42,636	3224	8,611
67	1712	0,535	5222	42,236	4639	8,344
68	514	0,535	3518	40,180	3518	8,215
69	216	0,534	3011	39,298	1923	8,072
70	546	0,495	546	38,956	3011	7,960
71	6222	0,475	2423	38,849	2423	7,755
72	6968	0,463	1923	38,661	5911	7,432
73	1923	0,455	5911	37,143	546	6,919
74	5911	0,447	6222	33,493	6222	6,731
75	3011	0,428	6968	32,118	232	6,679
76	6423	0,416	232	31,554	6968	6,457
77	232	0,413	6423	30,382	4722	6,001
78	4722	0,399	4722	29,786	6423	5,951
79	6136	0,364	6136	28,807	6136	5,312
80	3238	0,328	3238	26,599	3238	5,304
Média Geral		0,71		66,05		13,61

Nota ¹ – Classificação das famílias de acordo com a variável avaliada.

Alguns trabalhos evidenciam que o elevado perfilhamento em algumas variedades de cana-de-açúcar pode ter correlação negativa com a produtividade (OLIVEIRA et al., 2007). Corroborando neste entendimento, Ramesh e Mahadevaswamy (2000) constataram que as

cultivares que perfilham menos, além de apresentarem menores porcentagens de mortalidade dos perfilhos, possuem perfilhos com maior estatura, diâmetro de colmo e maior massa seca, indicando uma correlação positiva com os cultivares mais produtivos. Kang et al. (1983) e Reddy e Reddi (1986) também relataram a correlação negativa entre número de colmo e massa média de colmos. Neste sentido, a seleção das melhores famílias para número de perfilhos por touceira deve ser realizada juntamente com caracteres que expressem a produtividade, como TCH e TBH, para que não ocorra a tendência de selecionar clones dentro destas famílias com elevado perfilhamento e baixo potencial produtivo de cana e açúcar por hectare.

Os valores genotípicos das famílias de irmãos germanos para as variáveis TCH e TBH, estão apresentados na Tabela 7. Foram identificados oito famílias com elevados valores genotípicos, evidenciando o potencial destas famílias em conter genótipos superiores em produtividade. Estas oito famílias são 449, 1910, 6645, 5811, 1417, 6114, 4341 e 1217, são também as oito melhores famílias para a variável TBH, alterando apenas a ordem de classificação das famílias 1417, 6114, 4341 e 1217. Estes resultados evidenciam que estas famílias são provenientes de combinações híbridas favoráveis ao aumento de produtividade, seja para biomassa ou para produção de açúcar, indicando possibilidade de selecionar clones dentro destas famílias, para as características ligadas a produção. Para TCH, foram identificadas 30 famílias com valores genotípicos acima da média geral de 66,05 ($t \cdot ha^{-1}$). A seleção destas corresponderia a 37,5% do total de famílias avaliadas. Famílias superiores podem ser importantes para fornecer genótipos promissores para estes caracteres de seleção (BARBOSA et al., 2004).

Considerando a variável TBH o ganho com a seleção das 30 famílias acima da média ($13,61 t \cdot ha^{-1}$) seria em torno de 28%. Destas, nota-se que 29 famílias apresentaram valores superiores, o que pode indicar um elevado potencial de seleção de genótipos de ciclo precoce dentro dessas famílias. As melhores famílias podem ser exploradas por meio da seleção individual, considerando o expressivo valor genotípico destas hibridações. Isto é favorável, uma vez que haverá maior probabilidade de selecionar indivíduos com estas características que poderão ser fixados por propagação vegetativa (RESENDE, 1991; BARBOSA et al., 2004).

Ao observar o baixo potencial em conter genótipos superiores entre as sete piores famílias (6222, 6432, 232, 4722, 6423, 6136 e 3238) para as variáveis TCH e TBH (TABELA 7), com respectivas médias genotípicas dos cruzamentos bem inferiores às médias das variáveis ($66,05$ e $13,61 t \cdot ha^{-1}$, respectivamente), verifica-se que foram inferiores na maioria das variáveis analisadas. Exceto para a família 232, que obteve valores acima das médias

para as variáveis Brix (%) cana e estatura de colmos. Portanto a possível seleção na família 232 para Brix (%) cana e/ou estatura de colmos terá o inconveniente de estar selecionando indivíduos com baixo potencial para diversos caracteres, inclusive produtividade em TCH e TBH. Esta família foi originada do cruzamento L6014 e RB855536, cujos genitores apresentaram valores genéticos aditivos negativos para os caracteres TCH e TBH (TABELA 17). Já o genitor L6014 apresentou efeito genético aditivo positivo para as variáveis tecnológicas (pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana) conforme pode ser observado nas Tabelas 16 e 17.

Os dos valores genotípicos das famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar da série RB03, ordenados para as variáveis tecnológicas pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana, estão apresentados na Tabela 8. Para estes caracteres de seleção foi observado baixo ganho de seleção entre as melhores famílias. O ganho com a seleção das famílias com valores genotípicos acima da média geral para variável pol (%) cana seria 3,65%, para ART seria 2,84%, para fibra seria 5,60% e para pureza seria 1,05%. Estes resultados podem ter sido proporcionados pela baixa variabilidade genética observada entre as famílias, que variou de $CV_{gi}\%=2,47\%$ para pureza à $CV_{gi}\%=8,85\%$ para teor de fibra. Valores abaixo de 10% de variabilidade genética, podem indicar que a seleção é restrita para estes caracteres (OLIVEIRA et al., 2005). De acordo com Roach (1989) e Berding et al. (1998), uma explicação para a presença deste patamar de variabilidade genética, limitando o ganho genético, poderia ser o fato das cultivares utilizadas atualmente já terem na combinação elevado número de genes favoráveis, o que limitaria o ganho genético para algumas características genéticas.

Para estas variáveis, foi observado que as famílias 3528, 4419, 4426, 4846, 1835, 1527, 4948, 4341, 3518 e 4130 tiveram a tendência de estarem entre as dez melhores famílias, para as variáveis pol, ART e pureza, porém com diferentes ordenamentos (TABELA 8). Entretanto, apesar de terem apresentados as melhores classificações entre as famílias de irmãos germanos para as variáveis tecnológicas, estas famílias não apresentaram o mesmo desempenho para as variáveis TCH e TBH. Portanto a seleção destas famílias com base em características tecnológicas poderá proporcionar baixa probabilidade de obter indivíduos superiores em produtividade de biomassa e de açúcar.

TABELA 8 - Valores genotípicos (Vgf) e média geral das 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana, pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Clas ¹	Pol (%) cana		ART (%) cana		Fibra (%) cana		Pureza (%) cana	
	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf	Famílias	Vgf
1	3528	14,766	3528	16,182	232	13,903	6116	88,510
2	4419	14,610	4419	15,943	4846	13,222	1527	87,829
3	4426	14,554	4426	15,846	3425	13,138	4846	86,557
4	4846	14,384	4846	15,721	4426	13,056	3518	86,218
5	1835	14,206	4130	15,720	4722	13,037	3528	85,800
6	1527	14,158	1835	15,703	3011	13,023	1835	85,692
7	4948	14,124	4422	15,649	2812	12,972	4426	85,464
8	4341	14,118	1527	15,647	2822	12,827	491	85,187
9	3518	14,108	4948	15,624	2731	12,810	4948	84,984
10	4130	14,031	4341	15,581	3224	12,806	4929	84,964
11	4422	13,988	1727	15,549	4522	12,669	4341	84,935
12	6748	13,961	6222	15,527	6114	12,665	435	84,927
13	6222	13,949	3518	15,515	6143	12,581	497	84,897
14	6219	13,833	1217	15,488	534	12,512	6219	84,865
15	6116	13,816	6116	15,413	3238	12,466	6748	84,807
16	4929	13,804	4929	15,387	6137	12,455	1727	84,806
17	449	13,802	3946	15,375	449	12,427	524	84,647
18	3238	13,782	6748	15,330	4419	12,361	4419	84,628
19	1217	13,781	1712	15,318	6013	12,324	2146	84,422
20	1727	13,739	6219	15,308	4934	12,309	6222	84,409
21	3946	13,735	449	15,288	1910	12,240	449	84,393
22	232	13,733	232	15,267	318	12,237	2835	84,387
23	497	13,722	497	15,265	3946	12,233	3238	84,366
24	6645	13,633	3238	15,223	5222	11,994	154	84,343
25	5222	13,625	6147	15,215	1923	11,984	6645	84,282
26	435	13,624	524	15,199	6542	11,973	6542	84,233
27	1712	13,615	5222	15,178	497	11,962	4130	84,213
28	1340	13,591	6645	15,170	3518	11,942	514	84,134
29	524	13,586	154	15,153	6219	11,940	1340	84,105
30	4620	13,579	514	15,133	4921	11,925	566	84,077
31	6147	13,535	5911	15,122	6645	11,916	232	84,018
32	4522	13,521	4522	15,121	6748	11,876	2812	83,995
33	2146	13,510	4620	15,090	503	11,849	1217	83,979
34	154	13,506	4331	15,087	5140	11,766	5222	83,978
35	514	13,502	435	15,053	1937	11,743	4422	83,873
36	491	13,431	491	15,050	2146	11,728	3946	83,765
37	2835	13,388	1340	15,049	1340	11,711	6143	83,685
38	2822	13,364	2146	15,033	5811	11,674	4522	83,625
39	5911	13,364	6122	14,997	3528	11,668	6013	83,620
40	6542	13,324	2835	14,959	5911	11,628	1712	83,606
41	4331	13,319	2822	14,957	4331	11,572	2715	83,566
42	2812	13,276	6542	14,841	6147	11,566	3425	83,483
43	6122	13,239	216	14,828	566	11,547	2822	83,482
44	216	13,191	2812	14,775	514	11,537	6147	83,424
45	3224	13,127	1923	14,720	4341	11,528	216	83,397

TABELA 8 – Continua...

46	566	13,103	3224	14,659	2715	11,496	4620	83,383
47	2731	13,044	6968	14,605	2835	11,385	2731	83,336
48	1923	13,043	566	14,589	2324	11,371	6122	83,257
49	6143	13,005	2731	14,580	1217	11,231	4331	83,212
50	3425	12,996	6143	14,567	6222	11,212	6114	83,122
51	2433	12,875	3425	14,561	6116	11,148	3224	83,058
52	1910	12,866	2433	14,531	6968	11,113	1714	83,030
53	6013	12,838	6423	14,492	4620	11,083	4921	83,009
54	6968	12,790	1910	14,482	2432	11,082	2432	82,976
55	2432	12,720	6013	14,471	216	11,058	4934	82,973
56	5811	12,707	4639	14,415	2433	11,045	1910	82,959
57	2715	12,687	3011	14,356	1527	11,020	1417	82,903
58	6423	12,657	2432	14,311	4537	11,001	556	82,667
59	4639	12,636	5811	14,297	154	10,990	5811	82,666
60	3011	12,617	2715	14,294	435	10,985	1923	82,650
61	1837	12,590	4934	14,293	1712	10,934	1837	82,645
62	4934	12,524	1837	14,254	4130	10,928	2433	82,584
63	578	12,423	503	14,211	4422	10,894	4639	82,578
64	503	12,391	578	14,173	4948	10,862	4537	82,107
65	4537	12,364	4537	14,137	1835	10,800	6137	81,993
66	1417	12,356	2423	14,126	1837	10,770	5911	81,991
67	4921	12,353	546	14,094	524	10,765	534	81,913
68	534	12,284	534	14,080	546	10,710	5140	81,885
69	1714	12,284	1417	14,064	1417	10,626	3011	81,815
70	546	12,269	4921	13,996	4929	10,603	503	81,472
71	2423	12,259	1714	13,939	578	10,550	6968	81,200
72	6114	12,198	6114	13,856	2423	10,539	6423	81,120
73	6137	12,148	318	13,841	1714	10,491	6136	81,052
74	318	12,086	6137	13,804	1727	10,431	318	80,976
75	556	12,013	6136	13,745	6122	10,376	546	80,825
76	5140	11,919	556	13,669	6136	10,235	2423	80,753
77	6136	11,777	5140	13,600	6423	10,079	1937	80,605
78	4722	11,671	1937	13,560	556	9,773	4722	80,354
79	1937	11,616	4722	13,430	4639	9,175	2324	79,061
80	2324	11,177	2324	13,208	491	8,670	578	78,864
Média Geral		13,20		14,82		11,55		83,43

Nota ¹ – Classificação das famílias de acordo com a variável avaliada.

Considerando a família 449, de elevado valor genotípico para TCH e TBH, nota-se que para estas características tecnológicas, esta família também apresentou valores genotípicos positivos. Esta família (449) é proveniente do cruzamento entre os genitores RB825336 (?) e SP80-1816 (?), indicando ser uma combinação híbrida superior para vários caracteres de seleção importante ao melhoramento, principalmente para os caracteres de baixa herdabilidade individual, como TCH e TBH. Assim, a seleção desta família, conduziria a seleção de indivíduos com características importantes em elevar a produtividade e também a qualidade.

TABELA 9 - Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre os caracteres: diâmetro (cm) e estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira, Brix (%) cana, massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH), pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana, obtido a partir de 80 famílias de irmão-germano de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Variáveis	Diâmetro	Estatura	Nº perfilhos/ touceira	Brix	Massa colmo	TCH	TBH	Pol	ART	Fibra	Pureza
Diâmetro	1	0,35	0,04	0,10	0,69	0,23	0,23	0,10	0,11	-0,31	0,11
Estatura		1	0,17	0,46	0,75	0,41	0,45	0,38	0,34	0,19	0,33
Nº perfilhos/ touceira			1	-0,04	0,06	0,58	0,56	-0,03	-0,07	0,14	-0,05
Brix				1	0,42	0,18	0,28	0,64	0,61	0,31	0,57
Massa colmo					1	0,46	0,49	0,29	0,27	-0,14	0,30
TCH						1	0,99	0,17	0,15	0,06	0,19
TBH							1	0,25	0,23	0,10	0,25
Pol								1	0,99	0,23	0,84
ART									1	0,20	0,80
Fibra										1	0,07
Pureza											1

4.3 SELEÇÃO VIA PROCEDIMENTO BLUPIS

Em cana-de-açúcar a obtenção de informações de indivíduos dentro da fase T1 é de difícil mensuração, pois os campos possuem normalmente grande quantidade de seedlings, tornando este processo análise muito oneroso e demorado de ser mensurado. Uma forma de contornar esta situação corresponde em avaliar as progênes por meio de colheita total de suas parcelas, sendo posteriormente estimado o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família pelo procedimento BLUP individual simulado (BLUPIS) conforme descrevem Resende e Barbosa (2006). Os resultados referentes à seleção dentro das famílias pelo método BLUPIS, estão apresentados nas Tabelas 10, 11 e 12.

Os valores genotípicos relativos (g_{relativo}) das 80 famílias de irmãos germanos da série RB03 e o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família por meio do método BLUPIS para diâmetro e estatura de colmos, número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, estão apresentados na Tabela 10. Verifica-se para as variáveis diâmetro e estatura, que o número de clones indicados para a seleção dentro das famílias com efeitos genotípicos positivos corresponde a 652 e 629, respectivamente. A indicação de seleção destes clones representa aproximadamente 16% dos indivíduos avaliados na fase T1.

TABELA 10 - Efeito genotípico relativo (g_{relativo}) das 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) via método BLUPIS¹, para as variáveis diâmetro (cm) e estatura (m) de colmos, número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Diâmetro (cm)			Estatura (m)			Nº perfilhos/touceira			Brix (%) cana		
Família	g_{relativo}	n_k ⁽²⁾	Família	g_{relativo}	n_k	Família	g_{relativo}	n_k	Família	g_{relativo}	n_k
435	1,000	50	449	1,000	50	449	1,000	50	6219	1,000	50
6143	0,870	44	4846	0,921	46	1417	0,821	41	5222	0,703	35
4620	0,845	42	6748	0,869	43	1910	0,768	38	435	0,638	32
491	0,808	40	4341	0,641	32	4419	0,622	31	4426	0,586	29
154	0,805	40	435	0,614	31	6114	0,577	29	4948	0,544	27
4929	0,748	37	2433	0,588	29	5811	0,571	29	4419	0,512	26
497	0,673	34	3946	0,572	29	1714	0,561	28	232	0,470	23
216	0,650	32	4620	0,500	25	6645	0,549	27	2715	0,452	23
556	0,612	31	3528	0,493	25	6013	0,501	25	3528	0,441	22
3946	0,534	27	2731	0,489	24	6219	0,453	23	4341	0,432	22
449	0,532	27	2432	0,375	19	1727	0,398	20	4846	0,432	22
566	0,508	25	3224	0,372	19	6542	0,397	20	2822	0,423	21
318	0,501	25	4522	0,348	17	1340	0,394	20	4929	0,381	19
4331	0,411	21	497	0,343	17	4426	0,381	19	4620	0,377	19
4341	0,368	18	4948	0,341	17	578	0,376	19	2812	0,371	19
1835	0,364	18	491	0,334	17	1217	0,325	16	4130	0,351	18
524	0,353	18	2324	0,306	15	4341	0,264	13	6748	0,350	18
6645	0,333	17	6013	0,300	15	2812	0,188	9	1527	0,349	17
5811	0,297	15	1835	0,300	15	6147	0,167	8	6645	0,335	17
4639	0,296	15	4426	0,282	14	1527	0,147	7	6143	0,329	16
4522	0,263	13	2835	0,256	13	2146	0,125	6	449	0,325	16
546	0,200	10	4929	0,249	12	4422	0,106	5	4422	0,321	16
3011	0,189	9	4130	0,215	11	534	0,100	5	2146	0,311	16
4130	0,162	8	6322	0,210	10	4331	0,073	4	514	0,305	15
514	0,145	7	503	0,202	10	4537	0,062	3	4921	0,301	15
2731	0,138	7	5222	0,195	10	566	0,053	3	524	0,277	14
2835	0,127	6	6114	0,186	9	318	0,049	2	1727	0,271	14
3518	0,092	5	578	0,149	7	1712	0,026	1	6147	0,243	12
1910	0,088	4	4422	0,142	7	2731	0,019	1	2432	0,226	11
3528	0,084	4	3518	0,140	7	435	0,014	1	2433	0,195	10
3224	0,055	3	3425	0,127	6				497	0,185	9
			2146	0,114	6				154	0,183	9
			4331	0,108	5				1217	0,147	7
			5140	0,101	5				1910	0,139	7
			1340	0,092	5				4331	0,085	4
			2715	0,082	4				1340	0,069	3
			1837	0,052	3				2835	0,066	3
			6122	0,039	2				2324	0,061	3
			6143	0,024	1				1835	0,052	3
			4921	0,022	1				1923	0,051	3
			154	0,015	1				3224	0,037	2
									3518	0,019	1
									5811	0,018	1
									5140	0,018	1
									566	0,013	1

Nota¹ - $n_j=50$, número de indivíduos selecionados dentro da melhor família.

Nota² - $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_l) 50$, onde \hat{g}_k refere-se ao valor genotípico predito da família k e \hat{g}_l ao valor genotípico da melhor família l (número 1 do ranking).

Já para as variáveis número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, o número de clones indicados para seleção foram 504 e 660, representando 13 e 17% dos indivíduos avaliados, respectivamente.

Verifica-se que para a melhor família o número de indivíduos selecionados corresponde a 50, o que possibilitaria uma representatividade máxima da família de 98%, de acordo com Resende e Barbosa (2005; 2006). Para as famílias com efeito genotípico menor este número diminuir progressivamente até a família de efeito genotípico nulo (zero), quando não são mais recomendados a seleção de clones dentro destas famílias, pois estas possuem valores genotípicos inferiores a média experimental. Portanto o método elimina automaticamente as famílias com efeito genotípico negativo, por estarem abaixo da média geral do experimento, o que é coerente devido a baixa probabilidade de se obter clones superiores nestas famílias (RESENDE, 2004).

Resende e Barbosa et al. (2006) relatam que o número total de indivíduos a serem selecionados nas melhores famílias, depende da importância relativa entre os efeitos genotípicos das famílias avaliadas. Esta indicação é altamente desejável, uma vez que se encontram maior número de genótipos com possibilidade de seleção. Ressalta-se assim, uma grande probabilidade de se obter um clone superior dentro destas famílias superiores (KIMBENG et al., 2000; RESENDE, 2004; RESENDE e BARBOSA, 2005).

Os valores genotípicos relativos (g_{relativo}) das famílias de irmãos germanos e de indivíduos a serem selecionados dentro de cana família por meio do procedimento BLUPIS para as variáveis massa média de colmo, TCH e TBH, estão apresentados na TABELA 11. Para estas características o número de indivíduos foram, 463 (12%), 345 (8%) e 349 (8%), respectivamente. Considerando estas variáveis, observa-se que as famílias que mais contribuíram para a indicação de seleção destes clones foram as 449, 1910, 6645, 5811, 1417, 6114, 4341, 1217, 435, 6013, 578 e 1727. Para o número de clones potenciais dentro destas famílias, que foi 228, verificou-se que a taxa de seleção dentro destas famílias representa 6,35% dos indivíduos avaliados, ou seja, 65% dos clones indicados para a seleção estão dentro destas. Estas famílias foram provenientes dos cruzamentos RB825336 e SP80-1816, RB825548 e RB855156, SP80-3280 e RB845257, RB83102 e RB855113, RB8495 e RB835089, RB835089 e RB867515, SP70-1143 e SP77-5181, RB8495 e RB8317, RB735200 e SP77-5181, RB835054 e RB931555, RB813804 e RB845197, e RB925211 e RB8495. Destacam-se os genitores RB8495 e SP80-1816, por estarem em mais de um cruzamento entre os dez melhores. Sendo que genitor RB8495 se destacou em dois destes cruzamentos como genitor feminino e um como genitor masculino. O genitor SP80-1816 se destacou como genitor masculino, em dois cruzamentos. Já o genitor

RB835089, apareceu uma vez como genitor masculino e como genitor feminino. Estes genitores quando utilizados nos cruzamentos de irmãos germanos possibilitaram um ganho médio de 77% (SP80-1816), 54% (RB835089) e 27% (RB8495), para a variável TCH (TABELA 17).

Para a variável TBH, nota-se a mesma tendência de classificação mudando apenas a ordem de algumas famílias (TABELA 11). Para TBH, o número de clones indicados para a seleção foi de 349, sendo praticamente os mesmos 8% selecionados com base na variável TCH, sendo que as melhores famílias contribuiram com 6% dos clones indicados para a seleção em T1, o que significa que 65% dos clones indicados se encontram dentro das doze melhores famílias, ou seja 15% das melhores famílias. Verifica-se ainda, que o número de famílias indicadas para a seleção de clones que poderão avançar para a etapa seguinte foi 35, ou seja, 43% das famílias de irmãos germanos avaliadas nesta série RB03, com base na variável TBH (TABELA 11).

Na prática, os resultados obtidos pelo BLUPIS permitem serem aplicados para a seleção dos clones na segunda soca do próprio experimento de famílias, ou no campo denominado de T1 composto por seedlings plantados de maneira massal, ou ainda, por meio de novo plantio das famílias selecionadas, com posterior seleção dentro destas famílias, conforme relatam Resende e Barbosa (2005). Entre as três opções citadas acima, que a seleção na segunda soca tem uma pequena vantagem, pois os indivíduos a serem selecionados contribuiram para a média da família obtida no experimento.

Os valores genotípicos relativos (g_{relativo}) das famílias e o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família via BLUPIS para as pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana, estão apresentados na Tabela 12. Considerando a variável pol (%) cana, observa-se que o número de clones indicados para seleção corresponde a 575, o que representa uma taxa de seleção entre clones de 14%. Sendo que a taxa de seleção entre famílias para esta característica foi de 52%. Destacam-se as famílias 3528, 4419, 4426, 4846, 1835, 1527, 4948, 4341, 3518, e 4130, provenientes dos cruzamentos: RB925345 e RB946903, RB855156 e SP80-1816, TUC71-7 e RB92579, SP83-2847 e TUC71-7, RB855035 e RB946903, RB925211 e RB835486, RB912850 e SP80-1816, SP70-1143 e SP77-5181, RB946903 e RB855035, e RB9350 e SP70-1143.

TABELA 11 - Efeito genotípico relativo (g_{relativo}) das 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) via procedimento BLUPIS¹, para as variáveis massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Massa média de colmo (kg)			TCH			TBH		
Família	g_{relativo}	$n_k^{(2)}$	Família	g_{relativo}	n_k	Família	g_{relativo}	n_k
449	1,000	50	449	1,000	50	449	1,000	50
4341	0,597	30	1910	0,680	34	1910	0,682	34
1910	0,594	30	6645	0,497	25	6645	0,511	26
6645	0,588	29	5811	0,463	23	5811	0,440	22
435	0,585	29	1417	0,436	22	4341	0,405	20
1217	0,504	25	6114	0,374	19	1417	0,376	19
5811	0,404	20	4341	0,373	19	1217	0,321	16
6114	0,392	20	1217	0,316	16	6114	0,305	15
491	0,378	19	435	0,234	12	435	0,279	14
1727	0,369	18	6013	0,232	12	1727	0,237	12
497	0,342	17	578	0,228	11	4426	0,233	12
3946	0,317	16	1727	0,226	11	4419	0,208	10
4422	0,301	15	4426	0,203	10	578	0,183	9
4620	0,271	14	4419	0,187	9	6013	0,176	9
1417	0,266	13	1340	0,177	9	6219	0,175	9
1340	0,227	11	4422	0,147	7	1340	0,172	9
4331	0,222	11	1714	0,142	7	4422	0,163	8
578	0,222	11	3946	0,133	7	6147	0,131	7
6147	0,217	11	6147	0,118	6	2812	0,130	6
6013	0,213	11	6219	0,117	6	3946	0,126	6
4426	0,213	11	4331	0,115	6	4331	0,103	5
2812	0,139	7	491	0,109	5	1714	0,099	5
4929	0,128	6	6542	0,103	5	6542	0,091	5
1835	0,114	6	2812	0,098	5	497	0,077	4
6143	0,114	6	497	0,064	3	491	0,073	4
2731	0,099	5	2146	0,041	2	2146	0,058	3
3425	0,095	5	4620	0,018	1	4620	0,042	2
2835	0,075	4	566	0,012	1	1835	0,037	2
2146	0,056	3	4537	0,011	1	1837	0,035	2
4921	0,053	3	2835	0,011	1	5222	0,028	1
1714	0,046	2				2146	0,021	1
4948	0,032	2				566	0,010	1
566	0,024	1				2835	0,020	1
524	0,023	1				4537	0,020	1
4130	0,016	1						
4419	0,014	1						

Nota¹ - $n_j=50$, número de indivíduos selecionados dentro da melhor família.

Nota² - $n_k=(\hat{g}_k/\hat{g}_l)50$, onde \hat{g}_k refere-se ao valor genotípico predito da família k e \hat{g}_l ao valor genotípico da melhor família l (número 1 do ranking).

TABELA 12 - Efeito genotípico relativo (g_{relativo}) das 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) via procedimento BLUPIS¹, para as variáveis pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Pol (%) cana			ART (%) cana			Fibra (%) cana			Pureza (%) cana		
Família	g_{relativo}	n_k ⁽²⁾	Família	g_{relativo}	n_k	Família	g_{relativo}	n_k	Família	g_{relativo}	n_k
3528	1,000	50	3528	1,000	50	232	1,000	50	6116	1,000	50
4419	0,676	34	4419	0,675	34	4846	0,710	35	1527	0,866	43
4426	0,670	34	4426	0,620	31	3425	0,674	34	4846	0,615	31
4846	0,603	30	4846	0,511	26	4426	0,639	32	3518	0,548	27
1835	0,579	29	4130	0,466	23	4722	0,631	32	3528	0,466	23
1527	0,506	25	1835	0,409	20	3011	0,625	31	1835	0,444	22
4948	0,451	23	4422	0,409	20	2812	0,603	30	4426	0,399	20
4341	0,430	22	1527	0,401	20	2822	0,541	27	491	0,345	17
3518	0,409	20	4948	0,376	19	2731	0,534	27	4948	0,305	15
4130	0,395	20	4341	0,375	19	3224	0,533	27	4929	0,301	15
4422	0,388	19	1727	0,331	17	4522	0,474	24	4341	0,295	15
6748	0,337	17	6322	0,320	16	6114	0,473	24	435	0,294	15
6322	0,320	16	3518	0,315	16	6143	0,437	22	497	0,288	14
6219	0,270	13	1217	0,303	15	534	0,407	20	6219	0,281	14
6116	0,263	13	6116	0,268	13	3238	0,388	19	6748	0,270	13
4929	0,258	13	4929	0,256	13	6137	0,383	19	1727	0,270	13
449	0,256	13	3946	0,251	13	449	0,371	19	524	0,238	12
3238	0,248	12	6748	0,230	11	4419	0,343	17	4419	0,235	12
1217	0,248	12	1712	0,225	11	6013	0,327	16	2146	0,194	10
1727	0,230	11	6219	0,220	11	4934	0,321	16	6322	0,191	10
3946	0,228	11	449	0,211	11	1910	0,291	15	449	0,188	9
232	0,227	11	232	0,201	10	318	0,290	14	2835	0,187	9
497	0,222	11	497	0,200	10	3946	0,288	14	3238	0,183	9
6645	0,184	9	3238	0,181	9	5222	0,186	9	154	0,178	9
5222	0,181	9	6147	0,177	9	1923	0,182	9	6645	0,166	8
435	0,180	9	524	0,170	9	6542	0,177	9	6542	0,157	8
1712	0,176	9	5222	0,160	8	497	0,173	9	4130	0,153	8
1340	0,166	8	6645	0,157	8	3518	0,164	8	514	0,137	7
524	0,164	8	154	0,149	7	6219	0,163	8	1340	0,131	7
4620	0,161	8	514	0,140	7	4921	0,157	8	566	0,126	6
6147	0,142	7	5911	0,135	7	6645	0,153	8	232	0,114	6
4522	0,136	7	4522	0,135	7	6748	0,136	7	2812	0,110	5
2146	0,131	7	4620	0,120	6	503	0,125	6	1217	0,107	5
154	0,130	6	4331	0,119	6	5140	0,089	4	5222	0,106	5
514	0,128	6	435	0,103	5	1937	0,079	4	4422	0,086	4
491	0,097	5	491	0,102	5	2146	0,073	4	3946	0,064	3
2835	0,079	4	1340	0,102	5	1340	0,066	3	6143	0,049	2
2822	0,069	3	2146	0,094	5	5811	0,050	2	4522	0,037	2
5911	0,069	3	6122	0,078	4	3528	0,048	2	6013	0,036	2
6542	0,052	3	2835	0,061	3	5911	0,030	2	1712	0,033	2
4331	0,049	2	2822	0,059	3				2715	0,025	1
2812	0,031	2									
6122	0,015	1									

Nota¹ - $n_j=50$, número de indivíduos selecionados dentro da melhor família.

Nota² - $n_k=(\hat{g}_k/\hat{g}_1)50$, onde \hat{g}_k refere-se ao valor genotípico predito da família k e \hat{g}_1 ao valor genotípico da melhor família I (número 1 do ranking).

Para a variável ART (%) cana, observa-se que o número de clones indicados para seleção corresponde a 542 (TABELA 12), representando uma taxa de seleção entre clones de 14%. Estes clones foram indicados à seleção dentro das 41 famílias com valores genotípicos acima da média (14,82). Estas famílias representam 51% dos cruzamentos avaliados no presente estudo de famílias. As melhores dez famílias praticamente foram as mesmas para a característica pol (%) cana: 3528, 4419, 4426, 4846, 4130, 1835, 4422, 1527, 4948 e 4341. São diferentes apenas para a família 4422 que é oriunda do cruzamento RB855511 e SP80-1816, que ficou em 11° para pol. Como a ART é calculada em função do teor da pol (%) e a proporção de açúcares redutores, se este último não tiver grande magnitude de variação a classificação das famílias pela variável pol, terá maior peso, sendo semelhantes a ordem de classificação das famílias.

Para as variáveis fibra e pureza (TABELA 12) o número de clones indicados para a seleção via procedimento BLUPIS, foi de 666 e 508, respectivamente, representando uma taxa de seleção de clones de 17 e 13%. Para variável fibra foi observada a contribuição de 51% das famílias avaliadas e para pureza proporção foi de 50%. Verifica-se ainda, ao considerar as dez melhores famílias, a elevada contribuição destas em indicar clones potenciais para a seleção, representando 49 e 51% dos clones indicados para a seleção.

A análise do BLUP individual a partir do modelo 38 do programa Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2007b), não disponibiliza a seleção via procedimento BLUPIS. Desta forma, o BLUPIS foi obtido considerando a metodologia proposta por Resende e Barbosa (2006), usando os efeitos genotípicos preditos (g) e não os valores genotípicos e/ou os valores fenotípicos. A determinação do n_x , baseada nas últimas duas estatísticas, além de estar incorreta, conduziria à ausência da seleção entre famílias, ou seja, proporcionaria à seleção dos indivíduos de todas as famílias, se assemelhando à seleção massal.

Ao realizar correlação entre o procedimento BLUP individual e o BLUPIS, para as variáveis diâmetro e estatura de colmos, número de perfilhos por touceira, Brix (%) cana, massa média de colmo, TCH e TBH (TABELA 13), foi observado elevadas correlações entre os dois procedimentos, confirmando a elevada precisão em indicar clones via procedimento BLUPIS, conforme descrito por Resende e Barbosa (2006). Para diâmetro o valor de $r^2=0,96$, estatura $r^2=0,90$, número de perfilhos $r^2=0,95$, Brix (%) cana $r^2=0,83$, massa média de colmo $r^2=0,89$, TCH $r^2=0,93$ e para a variável TBH $r^2=0,90$. Considerando as variáveis que indicam produtividade de cana e açúcar (TCH e TBH), verificou-se que a seleção pelo procedimento BLUPIS indicou apenas 6% de indivíduos abaixo da média, proporcionado uma coincidência entre indivíduos de 95%, para TBH. Para TCH, a proporção de indivíduos

indicados abaixo da média foi de 13%, com coincidência entre indivíduos de 87. Estes resultados indicam alta precisão para a seleção de indivíduos dentro das melhores famílias via procedimento BLUP individual simulado (BLUPIS).

Resende e Barbosa (2006) ao proporem o procedimento BLUPIS, relataram que a seleção via este procedimento, permite alta correlação entre os verdadeiros valores estimados BLUP individual, ao ser testado em Eucaliptos. A seleção considerando as informações das famílias pode ser praticada, quando os indivíduos estão sendo dirigidos para testes clonais via propagação vegetativa. No caso da cana-de-açúcar, o uso de BLUP ou de BLUPIS individual poderá proporcionar aumento na eficiência da seleção clonal, sendo operacionalmente mais fácil do que a seleção de famílias com informações individuais. Portanto, pode ser considerado apropriado a sua utilização para programas de melhoramento da cana-de-açúcar.

TABELA 13 - Estimativa dos coeficientes de correlação entre a metodologia de seleção via BLUP individual e BLUPIS, a partir de 80 famílias de irmão-germano de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Estimativas	Diâmetro (cm)	Estatura (m)	Nº perfilhos/ touceira	Brix (%) cana	Massa média de colmo (kg)	TCH	TBH
Correlação ¹	0,96	0,90	0,95	0,83	0,89	0,93	0,90
Coincidência Indivíduos ²	0,91	0,88	0,97	0,85	0,86	0,87	0,95
Coincidência Individual Corrigida ³	0,88	0,79	0,93	0,71	0,76	0,81	0,85
Proporção BLUPIS ⁴	0,09	0,12	0,03	0,15	0,14	0,13	0,05

Nota ¹ - BLUP individual x BLUPIS;

Nota ² - Número de indivíduos coincidentes entre BLUP individual e BLUPIS;

Nota ³ - Coincidência entre os mesmos indivíduos selecionados via BLUP individual e BLUPIS;

Nota ⁴ - Proporção de indivíduos indicados pelo BLUPIS vindo abaixo da média geral.

4.4 EFEITO GENÉTICO ADITIVO DOS GENITORES

A predição dos efeitos genéticos aditivos, das médias genéticas e do ganho em % para os genitores utilizados nos cruzamentos biparentais, obtidos pelo procedimento BLUP, para as variáveis diâmetro e estatura de colmos, estão apresentados na Tabela 14. Para a variável diâmetro de colmos foram identificados 30 genitores com efeitos genéticos aditivos positivos, sendo que o ganho para a escolha destes, variou de 13,42% (SP77-5181) a 0,27% (SP70-1143). A adoção dos 10 melhores genitores em campanhas de cruzamentos,

para a variável diâmetro, poderiam proporcionar ganhos superiores a 7%, para esta variável. O genitor com maior efeito genético aditivo, para diâmetro de colmo, foi SP77-5181, com ganho de 13,42% em relação à média. Portanto, o uso deste genitor para a formação de novas progênies, contribuirá para obter indivíduos com maior diâmetro de colmo.

Para a variável estatura de colmos foram observados 34 genitores com efeito genético aditivo positivo, entretanto com ganhos maiores quando comparado com a variável diâmetro de colmos. O genitor com maior efeito genético aditivo foi RB855595, com valor genético aditivo 2,37 m, o que representa um ganho de 16,38%, podendo ser utilizado em cruzamentos visando a melhoria desta característica. O ganho em porcentagem (%) entre os melhores genitores (efeito genético positivo) para estatura de colmos, variou de 0,34% a 16,38%. Dentre estes, podem ser destacados os genitores RB855595, RB825336, SP83-2847, RB806043, SP70-1143, TUC71-7, SP80-1816 e SP77-5181, por apresentarem ganho genético aditivo (%) acima de 10%. Verifica-se que os genitores RB825336 e SP77-5181 também apresentaram elevado efeito genético aditivo para a variável diâmetro. Considerando o genitor RB825336 e SP80-1816, verifica-se que estes apresentaram elevados efeitos genéticos aditivos para várias variáveis analisadas, como diâmetro e estatura de colmos, número de perfilhos por touceira, teor de Brix (%) cana, massa média de colmo, TCH e TBH. Entre este, nota-se que o genitor RB825336 só não esteve entre os dez melhores genitores para a variável Brix (%) cana e que o genitor SP80-1816 só não esteve presente entre os dez melhores para a variável diâmetro de colmo. Estes resultados evidenciam o elevado potencial destes genitores para vários caracteres de seleção, portanto seu uso em cruzamentos pode contribuir para obter populações promissoras para estas características. Colaborando neste entendimento, Bastos et al. (2003) relataram que a utilização de genitores promissores, baseados em caracteres de seleção, poderá implicar em progênies mais promissoras para estas características.

Ao considerar os genitores, com efeitos genéticos positivos, em novas campanhas de cruzamento, possivelmente se estará contribuindo para aumentar o número de alelos favoráveis na população base em que será realizada nova seleção (BASTOS et al., 2003). Portanto, aumentam-se a probabilidade de encontrar indivíduos com estas características, como diâmetro e estatura de colmos, massa de colmo, TCH e TBH, ao utilizar os genitores RB825336, SP80-1816 e SP77-5181. Da mesma forma, torna-se importante observar os genitores que possuem efeito genético aditivo negativo, contribuirão com alelos desfavoráveis, se considerar o enfoque do melhoramento genético que é de aumentar a produtividade, a partir de caracteres de seleção que tenham correlação positiva com esta característica. Os genitores SP70-2233, TUC77-42, RB855536, RB966928 e RB955595,

apresentaram alguns dos menores valores genéticos para diâmetro de colmo. Enquanto que para estatura de colmo os piores foram RB8495, SP81-3250, RB855536, RB83102, RB94701. Estes resultados indicam que estes genitores poderão estar contribuindo com alelos desfavoráveis para estas características.

TABELA 14 - Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis diâmetro de colmo (cm) e estatura de colmos (m). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Ordem	Diâmetro (cm)				Estatura (m)			
	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	SP77-5181	0,300	2,53	13,42	RB855595	0,334	2,37	16,38
2	RB75126	0,276	2,51	12,34	RB825336	0,319	2,36	15,65
3	RB72454	0,247	2,48	11,06	SP83-2847	0,311	2,35	15,23
4	CP5376	0,236	2,47	10,55	RB806043	0,264	2,30	12,94
5	RB855453	0,216	2,45	9,65	SP70-1143	0,246	2,29	12,09
6	CO62175	0,209	2,44	9,36	TUC71-7	0,244	2,28	11,97
7	RB825336	0,179	2,41	8,02	SP80-1816	0,235	2,27	11,51
8	RB92606	0,163	2,40	7,30	SP77-5181	0,217	2,26	10,62
9	RB735200	0,160	2,39	7,15	RB946903	0,198	2,24	9,72
10	RB768647	0,155	2,39	6,94	RB735200	0,171	2,21	8,40
11	RB92579	0,149	2,38	6,67	RB92579	0,138	2,18	6,74
12	SP83-2847	0,138	2,37	6,18	RB945991	0,121	2,16	5,95
13	RB825548	0,128	2,36	5,72	RB925211	0,105	2,14	5,13
14	RB946903	0,109	2,34	4,89	CP5376	0,099	2,14	4,83
15	SP80-3280	0,103	2,34	4,63	RB855453	0,094	2,13	4,63
16	RB956911	0,098	2,33	4,39	RB931555	0,094	2,13	4,60
17	RB93509	0,094	2,33	4,23	RB768647	0,090	2,13	4,42
18	RB855113	0,075	2,31	3,37	CO62175	0,087	2,13	4,26
19	RB83102	0,058	2,29	2,60	RB835054	0,077	2,12	3,75
20	Q124	0,054	2,29	2,42	RB925453	0,075	2,11	3,68
21	RB845257	0,054	2,29	2,41	RB966928	0,066	2,10	3,25
22	RB835486	0,052	2,28	2,33	RB845197	0,063	2,10	3,08
23	RB9350	0,052	2,28	2,33	RB93509	0,061	2,10	2,97
24	RB813804	0,052	2,28	2,31	RB721012	0,060	2,10	2,95
25	RB855595	0,046	2,28	2,07	RB928064	0,060	2,10	2,95
26	RB865463	0,042	2,27	1,90	RB912825	0,059	2,10	2,87
27	SP801842	0,040	2,27	1,79	RB855035	0,055	2,09	2,71
28	RB931555	0,033	2,27	1,47	RB92606	0,053	2,09	2,59
29	RB925453	0,020	2,25	0,90	RB855113	0,045	2,08	2,23
30	SP70-1143	0,006	2,24	0,27	RB855206	0,035	2,07	1,74
31	RB912850	-0,001	2,23	-	RB825548	0,034	2,07	1,68
32	RB855035	-0,004	2,23	-	RB912850	0,033	2,07	1,62

TABELA 14 – Continua...

33	SP80-1816	-0,005	2,23	-	RB855511	0,026	2,06	1,26
34	RB867515	-0,005	2,23	-	SP80-3280	0,007	2,05	0,34
35	RB855206	-0,005	2,23	-	RB956911	-0,001	2,04	-
36	IAC87-3396	-0,010	2,22	-	RB835089	-0,003	2,04	-
37	RB855036	-0,010	2,22	-	RB813804	-0,010	2,03	-
38	RB806043	-0,024	2,21	-	RB845210	-0,018	2,02	-
39	SP79-1011	-0,025	2,21	-	RB946022	-0,023	2,02	-
40	RB721012	-0,040	2,19	-	SP801842	-0,028	2,01	-
41	RB928064	-0,040	2,19	-	RB865463	-0,035	2,00	-
42	RB845210	-0,044	2,19	-	RB845257	-0,035	2,00	-
43	RB925345	-0,049	2,18	-	IAC87-3396	-0,041	2,00	-
44	IAC52-326	-0,066	2,17	-	RB855036	-0,041	2,00	-
45	RB855511	-0,068	2,16	-	IAC52-326	-0,054	1,98	-
46	RB912825	-0,078	2,15	-	RB835486	-0,066	1,97	-
47	RB835089	-0,078	2,15	-	RB945961	-0,067	1,97	-
48	RB925211	-0,079	2,15	-	RB855463	-0,070	1,97	-
49	RB945991	-0,086	2,15	-	SP70-2233	-0,091	1,95	-
50	RB845197	-0,089	2,14	-	TUC77-42	-0,091	1,95	-
51	RB855463	-0,097	2,14	-	RB947501	-0,092	1,95	-
52	RB8495	-0,100	2,13	-	SP79-1011	-0,092	1,95	-
53	TUC71-7	-0,103	2,13	-	RB855046	-0,111	1,93	-
54	RB94701	-0,114	2,12	-	RB855156	-0,130	1,91	-
55	RB835054	-0,118	2,11	-	Q124	-0,133	1,91	-
56	L6014	-0,124	2,11	-	RB867515	-0,135	1,90	-
57	RB945961	-0,127	2,11	-	RB72454	-0,138	1,90	-
58	SP81-3250	-0,134	2,10	-	RB925345	-0,165	1,87	-
59	RB855046	-0,135	2,10	-	RB8317	-0,181	1,86	-
60	RB947501	-0,140	2,09	-	RB9350	-0,183	1,86	-
61	RB8317	-0,141	2,09	-	L6014	-0,197	1,84	-
62	RB946022	-0,147	2,09	-	SP83-5073	-0,213	1,83	-
63	SP83-5073	-0,191	2,04	-	RB75126	-0,217	1,82	-
64	RB855156	-0,204	2,03	-	RB955595	-0,244	1,79	-
65	SP70-2233	-0,224	2,01	-	RB8495	-0,249	1,79	-
66	TUC77-42	-0,224	2,01	-	SP81-3250	-0,285	1,75	-
67	RB855536	-0,267	1,97	-	RB855536	-0,309	1,73	-
68	RB966928	-0,274	1,96	-	RB83102	-0,328	1,71	-
69	RB955595	-0,314	1,92	-	RB94701	-0,379	1,66	-
Média Geral			2,23				2,04	

Os componentes de média BLUP para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais da série RB03, para as variáveis número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana, estão apresentados na Tabela 15. De acordo com os resultados, pode ser observado genitores com elevado efeito genético aditivo para número de perfilhos por touceira, proporcionando ganhos de até 38,40% com a escolha do genitor SP80-1816. Utilizando os genitores SP80-1816, RB835089, RB825336, RB825548, RB855113, RB845257, RB835054, RB8495, RB855156 e RB845197, em novos cruzamentos poderiam ser obtidos ganhos médios de 28%. Entretanto, diversos trabalhos evidenciam correlação negativa entre

número de perfilhos e produtividade (KANG et al., 1983; REDDY e REDDI, 1986). Neste sentido, Bressiani et al. (2002) relataram que o clone SP84-2029 apresentou estimativas elevadas e positivas para a variável número e colmos, porém para TCH este efeito não foi significativo. Basto et al. (2003) relataram que alguns genitores com elevado efeito positivo para a variável número de colmos, não tiveram o mesmo comportamento para a variável massa de colmo. Uma forma de contornar este problema seria utilizar genitores com elevado efeito genético aditivo para vários caracteres de seleção e que estejam direcionados ao aumento de produtividade. Assim, os melhores genitores com capacidade geral de combinação para esses caracteres relacionados com a produtividade, também pode ser explorados para se identificar as combinações específicas de elevado valor (BARBOSA et al., 2005).

Para o Brix (%) cana, pode ser observado pelos resultados apresentados na Tabela 14, ganhos em torno de 10,49% a 4,68% ao utilizar os dez melhores genitores, que foram: TUC71-7, SP77-5181, RB925453, SP80-1816, L6014, RB855206, RB925345, RB865463, RB845257 e RB72454. O genitor TUC71-7 teve elevado efeito genético aditivo para Brix (%) cana (ganho de 10,49%) (TABELA 15) e estatura de colmo (ganho de 11,97%) (TABELA 14), entretanto o mesmo desempenho não foi observado para as variáveis que expressam a produtividade, como TCH e TBH (TABELA 17). Para a variável TCH, o genitor TUC71-7 obteve a 63ª classificação entre os 69 genitores avaliados, com efeito genético aditivo (a) de -20%. Portanto, a sua escolha em hibridações pode proporcionar um efeito negativo de -46,62%, sobre a média da progênie, para o caractere produtividade de biomassa. Se utilizar o genitor TUC71-7 visando aumento de produtividade de açúcar, TBH, o ganho tende a ser negativo, pois para esta variável, este genitor também apresentou efeito genético aditivo negativo de 110% (-3,35). Jackson (2005) relata que existe uma correlação negativa entre teor de açúcar e produção de biomassa, sendo que a seleção com base em um destas variáveis poderá resultar em um ganho negativo para a outra. Uma forma de explorar o potencial deste genitor para Brix (%) cana, seria utilizá-lo em cruzamentos com genitores com elevado perfilhamento, o que poderia proporcionar progênies com maior potencial para TBH.

TABELA 15 - Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Ordem	N° perfilhos/touceira				Brix (%) cana			
	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	SP80-1816	3,233	11,65	38,40	TUC71-7	2,117	22,31	10,49
2	RB835089	3,224	11,64	38,28	SP77-5181	1,698	21,89	8,41
3	RB825336	2,677	11,10	31,79	RB925453	1,497	21,69	7,42
4	RB825548	2,667	11,09	31,67	SP80-1816	1,483	21,67	7,34
5	RB855113	2,543	10,96	30,20	L6014	1,295	21,48	6,42
6	RB845257	1,980	10,40	23,52	RB855206	1,289	21,48	6,39
7	RB835054	1,969	10,39	23,38	RB925345	1,215	21,40	6,02
8	RB8495	1,638	10,06	19,45	RB865463	1,106	21,29	5,48
9	RB855156	1,443	9,86	17,14	RB845257	1,098	21,29	5,44
10	RB845197	1,244	9,66	14,77	RB72454	0,946	21,13	4,68
11	RB925453	1,225	9,65	14,55	RB855453	0,921	21,11	4,56
12	TUC77-42	1,146	9,57	13,60	RB835486	0,878	21,07	4,35
13	SP70-2233	1,146	9,57	13,60	SP70-1143	0,819	21,01	4,05
14	RB931555	1,135	9,56	13,47	RB92606	0,797	20,99	3,95
15	SP70-1143	0,953	9,37	11,32	RB735200	0,759	20,95	3,76
16	SP80-3280	0,902	9,32	10,71	RB912850	0,714	20,90	3,54
17	RB865463	0,866	9,29	10,28	RB855156	0,710	20,90	3,52
18	RB813804	0,815	9,24	9,68	RB855463	0,704	20,89	3,49
19	RB855463	0,722	9,14	8,58	RB925211	0,516	20,70	2,56
20	RB925211	0,545	8,97	6,47	RB945991	0,449	20,64	2,23
21	RB966928	0,518	8,94	6,15	RB92579	0,417	20,61	2,07
22	SP81-3250	0,484	8,90	5,75	RB945961	0,344	20,53	1,70
23	RB925345	0,413	8,83	4,91	RB8317	0,335	20,52	1,66
24	CO62175	0,238	8,66	2,82	RB946903	0,328	20,52	1,63
25	SP77-5181	0,221	8,64	2,63	SP83-5073	0,306	20,49	1,52
26	SP83-5073	0,203	8,62	2,41	CP5376	0,302	20,49	1,49
27	CP5376	0,193	8,61	2,29	RB768647	0,291	20,48	1,44
28	RB8317	0,138	8,56	1,64	RB845210	0,256	20,44	1,27
29	RB83102	0,115	8,54	1,37	RB855113	0,223	20,41	1,10
30	RB912825	0,079	8,50	0,94	RB966928	0,223	20,41	1,10
31	RB867515	0,056	8,48	0,66	RB855046	0,217	20,41	1,08
32	RB72454	-0,043	8,38	-	RB9350	0,189	20,38	0,94
33	RB735200	-0,064	8,36	-	RB825336	0,180	20,37	0,89
34	RB92606	-0,085	8,34	-	RB855511	0,179	20,37	0,89
35	RB93509	-0,131	8,29	-	RB855595	0,120	20,31	0,59
36	RB912850	-0,153	8,27	-	SP83-2847	0,115	20,30	0,57
37	RB806043	-0,175	8,25	-	RB912825	0,088	20,28	0,44
38	RB768647	-0,254	8,17	-	RB825548	0,044	20,23	0,22
39	RB855035	-0,265	8,16	-	SP79-1011	0,012	20,20	0,06
40	RB855206	-0,316	8,10	-	RB806043	-0,036	20,15	-
41	RB835486	-0,324	8,10	-	IAC87-3396	-0,039	20,15	-
42	RB855453	-0,371	8,05	-	RB855036	-0,039	20,15	-
43	RB947501	-0,399	8,02	-	RB8495	-0,092	20,10	-

TABELA 15 – Continua...

44	RB945991	-0,445	7,98	-	RB955595	-0,136	20,05	-
45	RB956911	-0,451	7,97	-	RB845197	-0,251	19,94	-
46	L6014	-0,453	7,97	-	RB855536	-0,286	19,90	-
47	Q124	-0,484	7,94	-	RB813804	-0,316	19,87	-
48	RB855046	-0,551	7,87	-	RB83102	-0,397	19,79	-
49	RB855595	-0,598	7,82	-	RB855035	-0,400	19,79	-
50	SP83-2847	-0,627	7,79	-	RB835054	-0,436	19,75	-
51	RB928064	-0,680	7,74	-	RB946022	-0,488	19,70	-
52	RB721012	-0,680	7,74	-	RB721012	-0,502	19,69	-
53	SP801842	-0,724	7,70	-	RB928064	-0,502	19,69	-
54	RB845210	-0,725	7,70	-	SP80-3280	-0,529	19,66	-
55	RB92579	-0,741	7,68	-	RB867515	-0,550	19,64	-
56	IAC52-326	-0,801	7,62	-	SP70-2233	-0,618	19,57	-
57	RB75126	-1,063	7,36	-	TUC77-42	-0,618	19,57	-
58	RB946022	-1,137	7,28	-	SP801842	-0,671	19,52	-
59	RB9350	-1,254	7,17	-	Q124	-0,904	19,28	-
60	RB955595	-1,288	7,13	-	RB931555	-0,926	19,26	-
61	RB855036	-1,324	7,10	-	CO62175	-0,945	19,24	-
62	IAC87-3396	-1,324	7,10	-	RB835089	-0,989	19,20	-
63	SP79-1011	-1,476	6,94	-	SP81-3250	-1,607	18,58	-
64	RB94701	-1,579	6,84	-	RB93509	-1,622	18,57	-
65	TUC71-7	-1,662	6,76	-	RB956911	-1,813	18,38	-
66	RB946903	-1,782	6,64	-	IAC52-326	-2,038	18,15	-
67	RB945961	-1,810	6,61	-	RB94701	-2,102	18,09	-
68	RB855536	-2,026	6,39	-	RB75126	-2,420	17,77	-
69	RB855511	-2,733	5,69	-	RB947501	-3,059	17,13	-
Média Geral			8,42				20,19	

Os componentes de média BLUP para as variáveis massa média de colmo estão apresentados na Tabela 14. A seleção de genitores com base em seu efeito genético aditivo (a), ou valor genético aditivo (u+a) e para os caracteres de produção de biomassa, poderá contribuir para obter progênies com maior número de indivíduos favoráveis a estas características de seleção. O desempenho dos genitores para a variável massa média de colmo indicou ganhos de 36,36% a 16,80% entre os dez melhores, que foram: SP80-1816 RB825336, SP77-5181, RB825548, RB845257, RB855113, SP80-3280, SP70-1143, RB835089 e RB735200.

De maneira geral, verifica-se que entre os dez melhores genitores para o Brix (%) cana, sete destes não foram os mesmos para a variável massa média de colmo. Corroborando com as afirmações de Jackson (2005) que relata o efeito negativo de selecionar genitores para teor de açúcar e produção. Jackson (1994) e Milligan et al., (1994) relatam que esta correlação pode ser de baixa magnitude, podendo ser negativa ou ainda, positiva. Portanto, a seleção de genitores com base em apenas um destas características

não garantirá que a outra seja melhorada. Ao observar os dez melhores genitores para massa média de colmo, verifica-se que alguns destes, também tiveram elevados valores genéticos aditivos para a variável Brix (%) cana (TABELA 15), que foram: SP80-1816, SP77-5181 e RB845257. Neste caso, a utilização destes genitores poderá proporcionar que outras variáveis também sejam melhoradas. No caso dos genitores SP80-1816, RB845257 e SP77-5181, também haveria probabilidade da progênie ser melhorada para as variáveis TCH e TBH, nesta ordem de importância dos genitores (TABELA 17).

A escolha de genitores com elevado efeito genético aditivo para vários caracteres, como os genitores SP80-1816, RB845257 e SP77-5181, contribuirá com alelos favoráveis para estas características, o que poderá proporcionar maior número de indivíduos favoráveis a estas características em suas respectivas progênies. Entre estes, verifica-se que o genitor SP80-1816, também teve bom desempenho para o Brix (%) cana, ficando em quarto lugar e com valor genético aditivo de 21,67. Estes resultados indicam que o elevado valor genético aditivo deste genitor contribuiu para os elevados valores genéticos da família 449 (RB825336 e SP81-1816), conforme pode ser observado na Tabela 6, para as variáveis: estatura de colmos (1º lugar), número de perfilhos por touceira (1º lugar) e Brix (%) cana (20º lugar); na Tabela 7, para as variáveis: massa média de colmo, TCH e TBH.

Verifica-se ainda, que o genitor RB825336 também proporcionou elevado desempenho, como pode ser observado a mesma família 449 (RB825336 e SP81-1816). Portanto, o elevado valor genético para as variáveis diâmetro e estatura de colmo (TABELA 14), massa média de colmo (TABELA 16), TCH e TBH (TABELA 17), para esta família pode ser explicada em função dos elevados efeitos genéticos aditivos dos genitores utilizados neste cruzamento. Portanto, os genitores de elevados valores genéticos aditivos (capacidade geral de combinação - CGC), contribuíram para cruzamento de elevado valor genético.

Resultados obtidos por Barbosa et al. (2004) evidenciaram efeitos genéticos aditivos negativos para estes dois genitores para a variável tonelada de colmos por hectare. Barbosa et al. (2005), selecionando famílias e genitores, identificaram a família SP80-1816 e SP80-180, com elevado potencial para produção de colmos, com efeito genético positivo para os dois genitores, porém com maior efeito para o genitor SP80-180. Entretanto, no presente trabalho o genitor SP80-1816 foi testado apenas como genitor masculino e em três cruzamentos. Já o genitor RB825336 foi testado apenas uma vez como genitor feminino (RB825336 e SP80-1816). Estes resultados também podem ser explicados em função da capacidade específica de combinação entre estes genitores ser favorável, conforme pode ser observado na Tabela 20, para as variáveis massa média de colmo, TCH e TBH. Cruz e

Regazzi (1994) relatam que é importante obter combinações híbridas com elevadas médias, que envolvam pelo menos um genitor com elevado efeito genético aditivo e que permita uma capacidade específica de combinação favorável, favorecendo o aumento heterose entre os cruzamentos.

Os componentes de média BLUP para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais da série RB03, para as variáveis tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH), estão apresentados na Tabela 17. De acordo com os resultados, podem ser observados ganhos positivos com os 30 melhores genitores para a variável TCH. Buscando genitores que produzam melhores cruzamentos a utilização destes 30 genitores, poderá proporcionar ganho médio de 24,13% para a produção de biomassa, TCH. Para a variável TBH, que representa a produção de açúcar, este ganho médio seria de 24,87% ao utilizar os 30 melhores genitores em novas campanhas de cruzamento.

Observam-se pelos resultados apresentados na Tabela 17, que os dez melhores genitores para TCH (RB825336, SP80-1816, RB825548, RB835089, RB855113, RB845257, SP80-3280, SP77-5181, RB835054 e SP70-1143) foram os mesmos para a variável TBH, mudando apenas a ordem de classificação dos genitores (RB835089, RB855113, RB845257, SP80-3280, SP77-5181, RB835054 e SP70-1143). Esses dados evidenciam a importância destes genitores em elevar a produtividade de cana e de açúcar em suas respectivas progênes. Considerando os valores genotípicos das dez melhores famílias para a variável TBH (TABELA 7), nota-se que em nove destas foram provenientes de pelo menos um dos dez melhores genitores considerando a variável TCH (TABELA 17). Estas nove famílias são: RB825336 e SP80-1816, RB825548 e RB855156, SP80-3280 e RB845257, RB83102 e RB855113, RB8495 e RB835089, RB835089 e RB867515, SP70-1143 e SP77-5181, RB735200 e SP77-5181, e RB835054 e RB931555 (TABELA 1).

Com base nestas informações e no enfoque do melhoramento genético para a cana-de-açúcar em obter clones mais produtivos em biomassa (TCH) e açúcar (TBH), nota-se que os genitores RB825336, SP80-1816, RB825548, RB835089, RB855113, RB845257, SP80-3280, SP77-5181, RB835054 e SP70-1143 apresentaram elevado potencial para ambas as características. Seu uso em novas combinações híbridas, visando a obtenção de progênes superiores pode ser explorado, devido aos seus respectivos efeitos genéticos aditivos (a).

TABELA 16 - Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para a variável massa média de colmo (kg). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Ordem	Massa média de colmo (kg)								
	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	continua	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	SP80-1816	0,260	0,97	36,36	36	RB855206	-0,010	0,70	-
2	RB825336	0,241	0,96	33,79	37	RB72454	-0,010	0,70	-
3	SP77-5181	0,238	0,95	33,35	38	TUC77-42	-0,010	0,70	-
4	RB825548	0,183	0,90	25,65	39	SP70-2233	-0,010	0,70	-
5	RB845257	0,148	0,86	20,70	40	RB855035	-0,013	0,70	-
6	RB855113	0,145	0,86	20,25	41	RB945991	-0,014	0,70	-
7	SP80-3280	0,129	0,84	18,07	42	RB946903	-0,024	0,69	-
8	SP70-1143	0,126	0,84	17,68	43	SP83-5073	-0,026	0,69	-
9	RB835089	0,123	0,84	17,17	44	RB855595	-0,032	0,68	-
10	RB735200	0,120	0,83	16,80	45	RB855463	-0,048	0,67	-
11	CP5376	0,104	0,82	14,50	46	RB835486	-0,048	0,67	-
12	RB92579	0,102	0,82	14,22	47	RB928064	-0,050	0,66	-
13	RB835054	0,099	0,81	13,81	48	RB721012	-0,050	0,66	-
14	RB8495	0,092	0,81	12,83	49	RB946022	-0,051	0,66	-
15	CO62175	0,090	0,80	12,64	50	RB867515	-0,054	0,66	-
16	RB768647	0,080	0,79	11,13	51	RB845210	-0,070	0,64	-
17	SP83-2847	0,070	0,78	9,73	52	SP81-3250	-0,072	0,64	-
18	RB855453	0,066	0,78	9,20	53	TUC71-7	-0,081	0,63	-
19	RB845197	0,060	0,77	8,36	54	IAC52-326	-0,082	0,63	-
20	RB8317	0,042	0,76	5,89	55	RB83102	-0,086	0,63	-
21	RB925211	0,042	0,76	5,86	56	SP801842	-0,087	0,63	-
22	RB912825	0,042	0,76	5,81	57	L6014	-0,088	0,63	-
23	RB931555	0,041	0,76	5,72	58	RB855036	-0,100	0,61	-
24	RB865463	0,034	0,75	4,69	59	IAC87-3396	-0,100	0,61	-
25	RB813804	0,033	0,75	4,67	60	RB75126	-0,106	0,61	-
26	RB92606	0,014	0,73	1,95	61	SP79-1011	-0,110	0,60	-
27	Q124	0,010	0,72	1,46	62	RB947501	-0,112	0,60	-
28	RB93509	0,008	0,72	1,05	63	RB9350	-0,117	0,60	-
29	RB966928	0,005	0,72	0,76	64	RB855046	-0,125	0,59	-
30	RB806043	0,005	0,72	0,69	65	RB955595	-0,146	0,57	-
31	RB956911	0,002	0,72	0,22	66	RB94701	-0,160	0,55	-
32	RB912850	0,001	0,72	0,13	67	RB855511	-0,175	0,54	-
33	RB925453	0,000	0,71	0,03	68	RB945961	-0,180	0,53	-
34	RB925345	0,000	0,71	0,00	69	RB855536	-0,246	0,47	-
35	RB855156	-0,007	0,71	-					-
Média Geral								0,71	

Verificou-se também que alguns genitores tiveram a tendência de ter baixo valor genético aditivo, por apresentar médias inferiores a média experimental para as variáveis TCH e TBH. Um exemplo disto foram os genitores SP79-1011, RB9350, RB94701, RB945961, RB855511, RB855536 e RB75126. Portanto, o uso destes genitores poderá contribuir para aumentar o número de alelos desfavoráveis para estas características, em suas respectivas progênes. O que resultaria em menor probabilidade de se obter clones superiores para produção de cana e açúcar. Corroborando com estes resultados, Barbosa et al. (2005) também observaram para o genitor RB855536 efeito genético aditivo negativo para as variáveis tonelada de colmos por hectare, número de colmos e massa média de colmos. Já para o genitor RB75126 o efeito genético aditivo negativo foi apenas para a variável número de colmos. Em outro trabalho, Barbosa et al. (2004) também observaram efeito genético aditivo negativo para os genitores RB855536 e RB75126, para a variável tonelada de colmos por hectare. Resultado semelhante foi observado para o genitor RB72454, pois os referidos autores observaram efeito aditivo de -4,20, o que representariam um efeito negativo de 3,2%. No presente estudo de famílias o mesmo genitor apresentou comportamento semelhante, com efeito genético aditivo de -3,40, ou seja, um efeito negativo de -5,3%, para a variável TCH. Para TBH, o efeito genético aditivo do genitor também foi negativo (-0,289), o que promoveria um efeito negativo de -2,12%.

Os componentes de média BLUP para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais da série RB03, para as variáveis tecnológicas pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana estão apresentados nas Tabelas 16 e 17. Pelo procedimento BLUP foi possível prever o valor genético aditivo dos genitores utilizados nos cruzamentos de irmãos germanos da série RB03. De maneira geral, verifica-se que os genitores TUC71-7, SP80-1816, RB946903, SP70-1143, RB72454, L6014 e RB845210, apresentaram os maiores efeitos genéticos aditivos para estas características. Destes genitores, destacam-se os genitores SP80-1816, TUC71-7, SP70-1143 e RB92606, por terem apresentados efeitos genéticos aditivos para vários caracteres de seleção. O genitor SP80-1816 também contribui com elevados efeitos genéticos aditivos para as variáveis massa média de colmo, TCH, TBH e para as variáveis tecnológicas pol, ART, fibra e pureza. Estes resultados indicam o elevado potencial deste genitor para características direcionadas a produtividade de campo e produção de açúcar.

TABELA 17 - Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis tonelada de cana por hectares (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Ordem	TCH				TBH			
	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	RB825336	57,869	123,92	87,62	RB825336	12,196	25,81	89,60
2	SP80-1816	50,871	116,92	77,02	SP80-1816	11,285	24,90	82,90
3	RB825548	47,615	113,66	72,09	RB825548	9,923	23,53	72,90
4	RB835089	36,197	102,25	54,80	RB855113	7,271	20,88	53,42
5	RB855113	35,981	102,03	54,48	RB845257	6,758	20,37	49,65
6	RB845257	29,986	96,03	45,40	RB835089	6,312	19,92	46,37
7	SP80-3280	21,855	87,90	33,09	SP77-5181	5,395	19,01	39,64
8	SP77-5181	21,639	87,69	32,76	SP70-1143	4,269	17,88	31,36
9	RB835054	19,863	85,91	30,07	SP80-3280	4,269	17,88	31,36
10	SP70-1143	18,500	84,55	28,01	RB835054	3,675	17,29	27,00
11	RB8495	17,889	83,94	27,08	RB8495	3,571	17,18	26,23
12	RB845197	14,487	80,54	21,93	RB855156	3,106	16,72	22,82
13	CP5376	13,504	79,55	20,44	CP5376	2,719	16,33	19,98
14	RB855156	11,842	77,89	17,93	RB735200	2,615	16,23	19,21
15	RB931555	10,545	76,59	15,96	RB845197	2,513	16,12	18,46
16	RB735200	10,021	76,07	15,17	RB865463	1,831	15,44	13,45
17	CO62175	8,879	74,93	13,44	RB925453	1,734	15,35	12,74
18	RB813804	8,106	74,15	12,27	RB931555	1,555	15,17	11,42
19	RB865463	7,817	73,87	11,83	RB768647	1,293	14,91	9,50
20	SP70-2233	5,742	71,79	8,69	RB813804	1,278	14,89	9,39
21	TUC77-42	5,742	71,79	8,69	CO62175	1,238	14,85	9,09
22	RB768647	5,449	71,50	8,25	RB8317	1,086	14,70	7,98
23	RB925453	4,618	70,67	6,99	TUC77-42	1,083	14,70	7,96
24	RB8317	3,751	69,80	5,68	SP70-2233	1,083	14,70	7,96
25	RB912825	3,042	69,09	4,61	RB855453	0,792	14,40	5,82
26	RB925211	2,275	68,32	3,44	RB925345	0,699	14,31	5,14
27	RB855453	2,050	68,10	3,10	RB912825	0,641	14,25	4,71
28	RB966928	1,060	67,11	1,61	RB925211	0,624	14,24	4,58
29	RB925345	0,515	66,56	0,78	RB92606	0,442	14,05	3,25
30	RB92606	0,399	66,45	0,60	RB966928	0,301	13,91	2,21
31	SP83-5073	-1,158	64,89	-	SP83-5073	-0,012	13,60	-
32	RB806043	-1,440	64,61	-	RB92579	-0,155	13,46	-
33	RB92579	-1,495	64,55	-	RB912850	-0,197	13,42	-
34	RB83102	-1,794	64,26	-	RB806043	-0,259	13,35	-
35	SP83-2847	-1,947	64,10	-	RB72454	-0,289	13,32	-
36	RB855206	-2,481	63,57	-	SP83-2847	-0,319	13,29	-
37	RB956911	-2,715	63,33	-	RB855463	-0,363	13,25	-

TABELA 17 – Continua...

38	RB912850	-2,922	63,13	-	RB855206	-0,415	13,20	-
39	RB93509	-3,128	62,92	-	RB83102	-0,480	13,13	-
40	RB855463	-3,376	62,67	-	RB945991	-0,833	12,78	-
41	RB72454	-3,400	62,65	-	RB956911	-1,065	12,55	-
42	Q124	-3,503	62,55	-	Q124	-1,170	12,44	-
43	RB945991	-4,569	61,48	-	RB855035	-1,459	12,15	-
44	SP81-3250	-5,375	60,67	-	RB93509	-1,516	12,10	-
45	RB855035	-5,390	60,66	-	SP81-3250	-1,710	11,90	-
46	RB867515	-7,414	58,63	-	RB835486	-1,790	11,82	-
47	RB855595	-9,184	56,87	-	RB867515	-1,855	11,76	-
48	RB835486	-10,370	55,68	-	RB855595	-1,951	11,66	-
49	RB721012	-10,787	55,26	-	L6014	-2,061	11,55	-
50	RB928064	-10,787	55,26	-	RB845210	-2,239	11,37	-
51	RB845210	-11,118	54,93	-	RB928064	-2,429	11,18	-
52	L6014	-11,155	54,89	-	RB721012	-2,429	11,18	-
53	SP801842	-12,003	54,05	-	SP801842	-2,572	11,04	-
54	IAC52-326	-12,664	53,38	-	RB946903	-2,771	10,84	-
55	RB946022	-14,030	52,02	-	RB946022	-2,916	10,70	-
56	RB946903	-14,156	51,89	-	IAC52-326	-3,019	10,59	-
57	RB947501	-16,314	49,74	-	TUC71-7	-3,352	10,26	-
58	RB855046	-17,755	48,29	-	RB855046	-3,613	10,00	-
59	IAC87-3396	-18,026	48,02	-	RB855036	-3,714	9,90	-
60	RB855036	-18,026	48,02	-	IAC87-3396	-3,714	9,90	-
61	RB75126	-19,175	46,87	-	RB955595	-4,024	9,59	-
62	RB955595	-19,430	46,62	-	SP79-1011	-4,164	9,45	-
63	TUC71-7	-20,002	46,05	-	RB9350	-4,179	9,43	-
64	SP79-1011	-20,262	45,79	-	RB947501	-4,764	8,85	-
65	RB9350	-20,805	45,24	-	RB75126	-4,773	8,84	-
66	RB94701	-24,260	41,79	-	RB945961	-5,137	8,47	-
67	RB945961	-25,184	40,86	-	RB94701	-5,168	8,44	-
68	RB855511	-35,839	30,21	-	RB855511	-7,293	6,32	-
69	RB855536	-38,150	27,90	-	RB855536	-7,984	5,63	-
Média Geral			66,05				13,61	

Entretanto o melhor genitor TUC71-7, com elevados efeitos genéticos aditivos para características relacionadas com teor de açúcar, como Brix, Pol e Pureza, não teve o mesmo comportamento para características como TCH e TBH. Comportamentos semelhantes foram observados por Basto et al. (2003) ao avaliarem 44 progênies em delineamento látice 7 x 7, pois observaram que apenas um genitor (IAC86-2210) obteve estimativas positivas para Brix e produção de açúcar, TBH. Resultado semelhante ao observado no presente trabalho, devido o efeito genético aditivo negativo para algumas destas características, como para a variável massa média de colmo ($a = -0,088$; -11,29%), para a variável TCH ($a = -20,02$; -30,28%) e para TBH ($a = -3,52$; -30,28%). Outro fato que explica este comportamento médio se refere à participação do genitor TUC71-7 em apenas

três cruzamentos com os genitores SP83-2847, RB806043 e RB92579. Os respectivos genitores apresentaram valores genéticos aditivos negativos para a variável TCH. Os genitores RB806043 e RB92579, também tiveram valores genéticos aditivos negativos para a variável TBH. Foi verificado para o genitor RB92579 valores genéticos aditivos positivos para as variáveis diâmetro e estatura de colmos, Brix (%) cana e massa média de colmo. Portanto, quando o genitor TUC71-7 foi cruzado com o genitor RB92579, possibilitou a formação de uma família com melhor valor genotípico, como poder ser visto para a família 4948 (TUC71-7 e RB92579) nas Tabelas 6 e 8, para as variáveis diâmetro e estatura de colmo, Brix (%) cana, massa média de colmo e TBH.

TABELA 18 - Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= média genética e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para os caracteres pol (%) cana e açúcar redutores totais - ART (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Ordem	POL				ART			
	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	TUC71-7	1,649	14,85	12,49	TUC71-7	1,336	16,16	9,01
2	SP80-1816	1,213	14,41	9,19	SP80-1816	0,934	15,75	6,30
3	RB946903	0,942	14,14	7,14	RB946903	0,762	15,58	5,14
4	SP70-1143	0,704	13,90	5,34	RB72454	0,658	15,48	4,44
5	RB72454	0,703	13,90	5,33	SP70-1143	0,600	15,42	4,05
6	L6014	0,507	13,71	3,84	RB845210	0,362	15,18	2,45
7	RB845210	0,448	13,65	3,39	L6014	0,340	15,16	2,30
8	RB912850	0,441	13,64	3,34	RB92606	0,296	15,12	2,00
9	RB855035	0,380	13,58	2,88	RB912850	0,286	15,11	1,93
10	RB92606	0,373	13,57	2,83	RB8317	0,280	15,10	1,89
11	SP77-5181	0,371	13,57	2,81	SP77-5181	0,271	15,09	1,83
12	RB925453	0,351	13,55	2,66	RB855035	0,259	15,08	1,75
13	RB768647	0,324	13,52	2,46	RB925453	0,240	15,06	1,62
14	RB945961	0,321	13,52	2,43	RB925211	0,237	15,06	1,60
15	SP83-2847	0,319	13,52	2,42	SP83-2847	0,233	15,05	1,57
16	RB8317	0,314	13,51	2,38	RB768647	0,233	15,05	1,57
17	RB925211	0,298	13,50	2,26	SP79-1011	0,220	15,04	1,49
18	RB925345	0,270	13,47	2,04	RB8495	0,189	15,01	1,28
19	RB955595	0,248	13,45	1,88	RB925345	0,178	15,00	1,20
20	RB845257	0,204	13,40	1,55	RB955595	0,170	14,99	1,15
21	SP79-1011	0,199	13,40	1,51	RB845257	0,146	14,97	0,99
22	RB855206	0,198	13,40	1,50	RB855206	0,140	14,96	0,94
23	SP80-3280	0,169	13,37	1,28	RB945961	0,135	14,95	0,91
24	CO62175	0,152	13,35	1,15	CO62175	0,121	14,94	0,82
25	RB835054	0,142	13,34	1,08	SP80-3280	0,120	14,94	0,81
26	RB735200	0,139	13,34	1,05	RB855511	0,106	14,93	0,72
27	RB855453	0,128	13,33	0,97	RB9350	0,104	14,92	0,70
28	RB865463	0,103	13,30	0,78	RB855453	0,076	14,90	0,51
29	RB945991	0,093	13,29	0,70	RB835054	0,054	14,87	0,36

TABELA 18 – Continua...

30	RB8495	0,082	13,28	0,62	RB735200	0,047	14,87	0,31
31	RB855156	0,074	13,27	0,56	RB945991	0,046	14,87	0,31
32	SP70-2233	0,055	13,26	0,42	RB855156	0,033	14,85	0,22
33	TUC77-42	0,055	13,26	0,42	RB835486	0,016	14,84	0,11
34	RB855511	0,0381	13,24	0,29	TUC77-42	0,006	14,83	0,04
35	RB835486	0,0333	13,23	0,25	SP70-2233	0,006	14,83	0,04
36	RB9350	0,0288	13,23	0,22	RB865463	0,004	14,82	0,03
37	RB825336	-0,0052	13,19	-	RB825336	-0,003	14,82	-
38	RB912825	-0,0076	13,19	-	CP5376	-0,014	14,81	-
39	RB806043	-0,0399	13,16	-	RB92579	-0,024	14,80	-
40	RB92579	-0,0577	13,14	-	RB956911	-0,040	14,78	-
41	CP5376	-0,1307	13,07	-	RB912825	-0,057	14,76	-
42	SP801842	-0,1309	13,07	-	SP801842	-0,061	14,76	-
43	RB855463	-0,1542	13,05	-	RB806043	-0,086	14,73	-
44	RB956911	-0,1627	13,04	-	RB855036	-0,091	14,73	-
45	IAC87-3396	-0,1894	13,01	-	IAC87-3396	-0,091	14,73	-
46	RB855036	-0,1894	13,01	-	RB855463	-0,165	14,66	-
47	RB855113	-0,1907	13,01	-	RB825548	-0,188	14,63	-
48	RB825548	-0,2224	12,98	-	RB845197	-0,191	14,63	-
49	RB845197	-0,2515	12,95	-	RB931555	-0,199	14,62	-
50	RB931555	-0,259	12,94	-	RB855113	-0,207	14,61	-
51	RB867515	-0,2854	12,91	-	RB867515	-0,229	14,59	-
52	RB966928	-0,3201	12,88	-	IAC52-326	-0,253	14,57	-
53	RB83102	-0,3508	12,85	-	RB928064	-0,254	14,57	-
54	RB721012	-0,3717	12,83	-	RB721012	-0,254	14,57	-
55	RB928064	-0,3717	12,83	-	RB83102	-0,261	14,56	-
56	RB946022	-0,3914	12,81	-	RB946022	-0,313	14,51	-
57	IAC52-326	-0,392	12,81	-	RB93509	-0,322	14,50	-
58	RB93509	-0,4246	12,78	-	RB966928	-0,333	14,49	-
59	SP83-5073	-0,4934	12,71	-	SP83-5073	-0,390	14,43	-
60	RB855046	-0,5392	12,66	-	RB855536	-0,435	14,38	-
61	Q124	-0,544	12,66	-	RB855046	-0,446	14,37	-
62	RB75126	-0,5481	12,65	-	Q124	-0,473	14,35	-
63	RB855536	-0,6525	12,55	-	RB75126	-0,492	14,33	-
64	RB813804	-0,7139	12,49	-	RB94701	-0,502	14,32	-
65	SP81-3250	-0,7541	12,45	-	SP81-3250	-0,557	14,26	-
66	RB94701	-0,7617	12,44	-	RB813804	-0,569	14,25	-
67	RB855595	-0,9704	12,23	-	RB855595	-0,769	14,05	-
68	RB835089	-1,0104	12,19	-	RB835089	-0,921	13,90	-
69	RB947501	-1,339	11,86	-	RB947501	-1,062	13,76	-
Média Geral			13,20				14,82	

De acordo com os resultados apresentados na Tabela 18, para as variáveis pol (%) cana e ART (%) cana, nota-se que alguns genitores tiveram maior contribuição entre as melhores famílias. Entre estes genitores, o RB946903 apareceu em quatro cruzamentos, sendo em dois como genitor feminino e dois como genitor masculino. O genitor TUC71-7 apareceu em três cruzamentos, sendo em dois, como genitor feminino. Outro genitor em destaque foi SP80-1816, aparecendo em três cruzamentos como genitor masculino. E o

genitor RB855035, apareceu em dois cruzamentos, sendo uma vez como genitor feminino e a outra como genitor masculino. De acordo como os efeitos genéticos aditivos apresentados na Tabela 18, o ganho ao utilizar estes genitores foram 7,14%, 12,49%, 14,41% e 2,88%, para pol (%) cana, e 5,14%, 9,01%, 6,30 e 1,75%, para a variável ART (%) cana, respectivamente.

Estes resultados indicam a possibilidade de explorar genitores com elevado valor genético aditivo para características de produção de biomassa em cruzamentos com genitores com possuam elevador valor genético aditivo para variáveis que estejam relacionadas com o conteúdo de açúcar, como Brix (%) cana e pol (%) cana. Cox et al. (1990), Milligan et al. (1994), Kimbeng et al. (2000b), Jackson e McRae (2001), Jackson e Morgan (2003) e Jackson (2005) relatam que a seleção visando o aumento de produtividade de colmo promove ganhos muito pequenos ou quase nulos para o conteúdo de açúcar, sendo que estes resultados ocorreriam devido a diversos fatores, como ação dos genes envolvidos na expressão do caráter, a época de avaliação de uma variável poderia proporcionar diferentes correlações com outras variáveis, a expressão do conteúdo de açúcar poderia ser governado por um grande número de genes, genes que expressam conteúdo de açúcar também expressariam para produção de colmos, porém com ação pleiotrópica, ou ainda, por fatores fisiológicos ligados a assimilação e partição de carbono destinados ao crescimento e/ou ao acúmulo de açúcares.

Na literatura há poucos trabalhos de melhoramento genético também baseados em variáveis tecnológicas, como pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e Pureza (%) cana. Provavelmente pela maior dificuldade de mensurar estas características nesta fase inicial do melhoramento. Esta tendência foi observada no presente estudo, pois as estimativas dos parâmetros genéticos foram de magnitudes menores quando comparados com as variáveis avaliadas individualmente. Para estas variáveis tecnológicas, explicadas em parte pela variância genética aditiva (s_a^2) e pela variância genética de dominância (s_d^2), para as variáveis pol, ART e pureza. Para a variável fibra esta variância foi explicada em função do efeito genético não aditivo (dominância). Nota-se que os efeitos genéticos aditivos dos genitores para a variável fibra foram de pequena magnitude, variando de 0,20% a 0,01%, ou seja, praticamente nulos os referidos efeitos genéticos dos genitores.

Os ganhos previstos com a seleção dos melhores genitores variaram em função da variável e de suas respectivas herdabilidades. Sendo que para a variável pol (%) cana o ganho médio com a utilização dos melhores genitores seria em torno de 2,54%, para ART foi de 1,73%, para o teor de fibra foi praticamente nulo (0,08%) e para pureza foi de 1,11%.

Entretanto, ao indicar os melhores genitores para características que indicam produtividade, devem-se considerar algumas características qualitativas de elevada importância para o melhoramento genético da cana-de-açúcar. Um exemplo, refere-se a suscetibilidade e/ou tolerância as doenças, pois alguns dos melhores genitores para características quantitativas de produção, indicados no presente estudo, possuem susceptibilidades as diferentes doenças. Portanto, a escolha dos melhores genitores pode considerar estas duas informações.

TABELA 19 - Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= média genética e Ganho genético em %), para os 69 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para os caracteres fibra (%) cana e pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Ordem	Fibra (%) cana				Pureza (%) cana			
	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	RB925345	0,023	11,57	0,20	RB845210	3,491	86,92	4,18
2	SP80-1816	0,022	11,57	0,19	TUC71-7	3,036	86,47	3,64
3	RB855156	0,022	11,57	0,19	RB946903	2,179	85,61	2,61
4	L6014	0,021	11,57	0,18	RB925211	1,677	85,11	2,01
5	RB946022	0,021	11,57	0,18	SP80-1816	1,546	84,98	1,85
6	RB855511	0,018	11,57	0,16	RB855035	1,435	84,87	1,72
7	RB93509	0,017	11,57	0,15	RB835486	1,417	84,85	1,70
8	RB945961	0,015	11,56	0,13	L6014	1,241	84,67	1,49
9	RB83102	0,015	11,56	0,13	SP70-1143	1,101	84,53	1,32
10	RB912825	0,014	11,56	0,12	RB925453	1,064	84,49	1,28
11	RB912850	0,013	11,56	0,11	CO62175	1,022	84,45	1,22
12	SP83-5073	0,013	11,56	0,11	RB912850	0,917	84,35	1,10
13	SP81-3250	0,009	11,56	0,07	RB945961	0,910	84,34	1,09
14	RB835054	0,008	11,56	0,07	RB855206	0,902	84,33	1,08
15	RB955595	0,008	11,56	0,07	SP83-2847	0,860	84,29	1,03
16	SP80-3280	0,008	11,56	0,07	RB92606	0,859	84,29	1,03
17	RB825336	0,008	11,56	0,07	RB768647	0,810	84,24	0,97
18	RB9350	0,007	11,56	0,06	SP77-5181	0,802	84,23	0,96
19	RB931555	0,007	11,56	0,06	RB735200	0,797	84,23	0,95
20	RB825548	0,006	11,56	0,05	RB72454	0,786	84,22	0,94
21	RB8317	0,004	11,55	0,04	RB865463	0,753	84,18	0,90
22	SP77-5181	0,004	11,55	0,03	RB92579	0,706	84,14	0,85
23	RB768647	0,004	11,55	0,03	RB925345	0,665	84,10	0,80
24	SP70-2233	0,004	11,55	0,03	RB867515	0,613	84,04	0,73
25	TUC77-42	0,004	11,55	0,03	RB835054	0,612	84,04	0,73
26	RB925453	0,003	11,55	0,03	SP80-3280	0,481	83,91	0,58
27	RB966928	0,003	11,55	0,03	RB845257	0,442	83,87	0,53
28	RB845257	0,003	11,55	0,03	TUC77-42	0,426	83,86	0,51
29	RB806043	0,003	11,55	0,02	SP70-2233	0,426	83,86	0,51
30	RB721012	0,003	11,55	0,02	RB955595	0,346	83,78	0,42
31	RB928064	0,003	11,55	0,02	RB8317	0,300	83,73	0,36
32	RB855046	0,002	11,55	0,01	RB8495	0,223	83,65	0,27

TABELA 19 – Continua...

33	RB867515	0,001	11,55	0,01	RB912825	0,204	83,63	0,24
34	RB855113	0,001	11,55	0,01	RB945991	0,195	83,62	0,23
35	RB855536	0,001	11,55	0,01	RB825336	0,133	83,56	0,16
36	RB855463	0,001	11,55	0,01	RB855463	0,050	83,48	0,06
37	SP79-1011	0,001	11,55	0,01	RB855113	-0,045	83,39	-
38	RB865463	0,000	11,55	0,00	RB855156	-0,052	83,38	-
39	TUC71-7	-0,001	11,55	-	RB931555	-0,091	83,34	-
40	RB947501	-0,002	11,55	-	RB806043	-0,110	83,32	-
41	SP83-2847	-0,003	11,55	-	Q124	-0,279	83,15	-
42	RB813804	-0,003	11,55	-	RB825548	-0,333	83,10	-
43	RB855206	-0,003	11,55	-	RB855453	-0,356	83,07	-
44	RB845210	-0,004	11,55	-	RB9350	-0,369	83,06	-
45	RB946903	-0,004	11,55	-	RB946022	-0,470	82,96	-
46	IAC87-3396	-0,004	11,55	-	RB966928	-0,496	82,93	-
47	RB855036	-0,004	11,55	-	RB855046	-0,538	82,89	-
48	RB925211	-0,004	11,55	-	SP79-1011	-0,539	82,89	-
49	RB855453	-0,004	11,55	-	CP5376	-0,645	82,78	-
50	RB945991	-0,005	11,55	-	RB855511	-0,652	82,78	-
51	RB735200	-0,005	11,54	-	RB956911	-0,748	82,68	-
52	RB72454	-0,006	11,54	-	RB835089	-0,757	82,67	-
53	SP70-1143	-0,006	11,54	-	RB75126	-0,781	82,65	-
54	IAC52-326	-0,007	11,54	-	SP801842	-0,882	82,55	-
55	RB835089	-0,008	11,54	-	RB928064	-1,055	82,38	-
56	RB855595	-0,008	11,54	-	RB721012	-1,055	82,38	-
57	RB92606	-0,008	11,54	-	RB93509	-1,100	82,33	-
58	CP5376	-0,009	11,54	-	RB855036	-1,201	82,23	-
59	RB845197	-0,009	11,54	-	IAC87-3396	-1,201	82,23	-
60	RB855035	-0,010	11,54	-	SP81-3250	-1,406	82,02	-
61	RB835486	-0,010	11,54	-	RB83102	-1,424	82,01	-
62	RB94701	-0,012	11,54	-	IAC52-326	-1,629	81,80	-
63	SP801842	-0,013	11,54	-	SP83-5073	-1,652	81,78	-
64	RB956911	-0,015	11,54	-	RB94701	-1,974	81,46	-
65	Q124	-0,016	11,53	-	RB855536	-2,231	81,20	-
66	CO62175	-0,026	11,52	-	RB855595	-2,240	81,19	-
67	RB92579	-0,026	11,52	-	RB845197	-2,304	81,13	-
68	RB75126	-0,027	11,52	-	RB947501	-2,668	80,76	-
69	RB8495	-0,036	11,51	-	RB813804	-2,861	80,57	-
Média Geral			11,55				83,43	

4.5 CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO

Os resultados referentes ao efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para as 80 famílias de irmãos germanos da série RB03, considerando apenas as variáveis diâmetro e estatura de colmos, número de perfilhos por touceira, massa média de colmo, TCH e TBH, e para as variáveis tecnológicas pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana estão apresentados nas Tabelas 18, 19 e 20. Para estas variáveis foi

verificado que a capacidade específica de combinação foi significativa, conforme resultados de análise de Deviance apresentados nos Anexos 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11 e 12. Entre estas variáveis, foi verificado para diâmetro de colmo (6,280*) e Brix (%) cana (6,620*) significância a 5% de probabilidade, e para as demais variáveis que apresentaram significância a 1% de probabilidade. Portanto, estas variáveis foram explicadas principalmente em função dos efeitos gênicos não aditivos, onde as combinações híbridas apresentaram resultados diferentes, quando comparado com a performance média de seus respectivos genitores. Altos valores de CEC, positivo ou negativo, evidenciam que o comportamento de um cruzamento foi relativamente melhor ou pior do que o esperado, quando considerado o valor genético aditivo dos seus respectivos genitores (BASTOS et al., 2003).

De acordo com os resultados apresentados na Tabela 20, para as variáveis diâmetro e estatura de colmos, massa média de colmo e Brix (%) cana, foi verificado que houve em torno de 40 famílias com valores positivos para CEC, para as estas quatro variáveis. Entretanto, a classificação destes cruzamentos não seguiu a mesma ordem nas quatro variáveis. Nota-se que à família 449, obteve alta CEC, para diâmetro e estatura de colmo, para massa de colmo, porém para Brix (%) cana apresentou o valor de 0,113 para CEC (TABELA 20). A família 6143, com o melhor efeito de CEC para diâmetro de colmo, para massa de colmos ficou classificada em 47º lugar e para TBH ficou em 63º lugar. Considerando a família 5222 com maior efeito de CEC para a variável Brix (%) cana, verificou-se que esta também não obteve o mesmo desempenho para as demais variáveis, ficando em 43º lugar para TBH e 48º para TCH. Portanto, se considerar o enfoque do melhoramento genético da cana-de-açúcar em selecionar clones mais produtivos, para biomassa e açúcar, torna-se importante buscar combinações híbridas com médias elevadas, com estimativas positivas de CEC para estas variáveis e ainda que envolvam pelo menos um dos genitores com elevado efeito de capacidade geral de combinação (CGC) (CRUZ e REGAZZI, 1994; BASTOS et al., 2003). Relata-se ainda, a importância de se explorar a aptidão dos genitores nos cruzamentos, pois as suas respectivas progênes tenderam a apresentar indivíduos com as mesmas características paternas, portanto se for uma característica desfavorável, possivelmente se aumentará o descarte de material no durante o processo de seleção, conforme relatam Bastos et al. (2003).

Os resultados referentes ao efeito da capacidade específica de combinação (CEC), considerando as variáveis massa média de colmo, TCH e TBH estão apresentados nas Tabelas 19. Foram identificadas 40 famílias com efeito da capacidade de combinação positivos para massa média de colmo, com valores variando de 0,369 a 0,001 (kg). Para a variável

TCH foram identificadas 37 famílias com efeito da CEC positivos, variando de 51,059 a 0,005 (t.ha⁻¹), sendo que entre as dez melhores combinações o efeito da CEC variou de 51,059 a 16,357 (t.ha⁻¹). Para a variável TBH também foram identificadas 37 famílias com efeito da CEC positivos, variando de 11,30 a 0,011 (t.ha⁻¹), sendo que entre as dez melhores combinações o efeito da CEC variou de 11,30 a 3,589 (t.ha⁻¹).

TABELA 20 - Efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para as 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis diâmetro de colmo (cm), estatura de colmo (m), número de perfilhos por touceira e Brix (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Diâmetro (cm)		Estatura (m)		Nº perfilhos/touceira		Brix (%) cana	
Família	Efeito	Família	Efeito	Família	Efeito	Família	Efeito
6143	0,160	449	0,312	449	0,941	5222	1,121
216	0,133	4846	0,265	1910	0,938	6219	0,939
154	0,123	6748	0,258	5811	0,894	6147	0,827
4620	0,117	2731	0,205	1417	0,769	232	0,813
491	0,114	4522	0,188	6645	0,696	566	0,694
1217	0,105	3946	0,182	6114	0,609	6645	0,689
449	0,097	6114	0,179	3946	0,538	3946	0,629
4929	0,089	2324	0,168	6147	0,521	2715	0,616
435	0,087	435	0,167	1527	0,462	4620	0,578
497	0,084	3528	0,164	1727	0,459	1727	0,577
318	0,077	4341	0,146	2812	0,456	2822	0,532
1835	0,076	2433	0,119	4341	0,441	4130	0,515
3946	0,076	154	0,111	2146	0,440	3528	0,508
1910	0,069	4130	0,095	578	0,437	4929	0,500
3224	0,060	4620	0,092	6219	0,431	2146	0,494
2324	0,059	6013	0,092	6542	0,403	435	0,476
4522	0,055	497	0,088	6013	0,399	4426	0,448
1714	0,054	2432	0,087	1217	0,378	2432	0,424
2432	0,042	3224	0,086	2835	0,351	6143	0,382
5811	0,041	491	0,085	1837	0,336	1527	0,317
6122	0,040	5222	0,085	566	0,304	4921	0,313
2731	0,038	5140	0,082	1340	0,293	1340	0,308
1937	0,035	6122	0,078	4331	0,238	1217	0,305
556	0,029	6222	0,073	1835	0,231	514	0,304
6645	0,029	1727	0,072	6122	0,225	2812	0,302
4130	0,024	578	0,061	534	0,170	2433	0,282
566	0,023	503	0,059	4422	0,163	4419	0,269
6423	0,022	3425	0,057	4948	0,162	2324	0,259
6013	0,018	6147	0,052	4419	0,087	4948	0,220
2812	0,017	4929	0,052	491	0,084	4331	0,209
1727	0,013	1835	0,050	2432	0,083	1835	0,186
6222	0,011	1837	0,049	2423	0,079	497	0,183
3011	0,004	5811	0,044	6137	0,054	6116	0,161
2835	0,003	1937	0,034	2324	0,051	5811	0,140
3528	0,001	1910	0,034	4921	0,040	4846	0,138

TABELA 20 – Continua...

524	0,000	4426	0,032	524	0,034	449	0,113
4426	-0,001	2715	0,029	3425	0,028	4422	0,101
5222	-0,003	2835	0,024	154	0,020	3518	0,092
6968	-0,005	4948	0,010	4537	-0,011	1417	0,074
514	-0,006	1217	0,008	435	-0,023	3425	0,055
4422	-0,013	216	0,005	4929	-0,030	1910	0,028
6748	-0,013	6219	-0,009	4426	-0,054	6137	0,017
5911	-0,014	1340	-0,017	6748	-0,062	5911	0,007
3518	-0,020	6116	-0,018	514	-0,083	4341	-0,002
4341	-0,021	4921	-0,020	497	-0,089	6748	-0,023
503	-0,022	6137	-0,025	4130	-0,106	6968	-0,025
4639	-0,022	6143	-0,027	5140	-0,111	318	-0,041
6147	-0,024	6423	-0,027	2822	-0,114	1923	-0,063
6116	-0,024	566	-0,034	4620	-0,130	6114	-0,078
6137	-0,025	6645	-0,034	2731	-0,134	3238	-0,085
4846	-0,025	6968	-0,040	5222	-0,145	3224	-0,123
1417	-0,027	2812	-0,043	318	-0,151	578	-0,157
4537	-0,028	1417	-0,044	2433	-0,156	5140	-0,168
546	-0,036	3518	-0,044	232	-0,159	524	-0,312
4934	-0,038	4422	-0,046	556	-0,170	503	-0,315
3425	-0,042	524	-0,050	216	-0,226	6222	-0,330
2715	-0,045	546	-0,053	503	-0,239	6122	-0,335
2433	-0,047	2146	-0,053	1714	-0,244	4522	-0,341
2822	-0,047	4419	-0,069	6423	-0,254	4934	-0,362
578	-0,049	318	-0,071	6116	-0,255	216	-0,366
1527	-0,050	4331	-0,075	3224	-0,267	154	-0,382
4948	-0,052	4934	-0,080	6222	-0,272	6542	-0,388
1837	-0,058	6542	-0,089	546	-0,282	3011	-0,397
6219	-0,059	5911	-0,090	3011	-0,335	1712	-0,397
6136	-0,062	2822	-0,093	4522	-0,369	6423	-0,421
4331	-0,063	1923	-0,118	4846	-0,372	1837	-0,529
5140	-0,067	556	-0,130	4934	-0,428	556	-0,567
232	-0,067	2423	-0,133	1923	-0,429	2835	-0,580
6114	-0,069	1714	-0,138	4722	-0,450	6013	-0,581
1923	-0,070	1712	-0,143	3238	-0,453	491	-0,593
2146	-0,070	4537	-0,147	6968	-0,466	1714	-0,617
534	-0,073	4639	-0,183	5911	-0,519	4722	-0,635
4722	-0,080	514	-0,190	1937	-0,520	4537	-0,680
1340	-0,082	232	-0,192	3528	-0,548	1937	-0,728
4419	-0,087	1527	-0,205	6136	-0,555	2423	-0,767
2423	-0,089	3238	-0,239	6143	-0,579	534	-1,008
4921	-0,116	4722	-0,260	2715	-0,596	2731	-1,186
6542	-0,122	3011	-0,274	3518	-0,660	546	-1,279
3238	-0,171	534	-0,279	4639	-0,697	6136	-1,319
1712	-0,199	6136	-0,370	1712	-0,786	4639	-1,766

TABELA 21 - Efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para as 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis massa média de colmo (kg), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Massa média colmo (kg)		TCH		TBH	
Família	Efeito	Família	Efeito	Família	Efeito
449	0,369	449	51,059	449	11,300
1910	0,280	1910	42,011	1910	9,193
1217	0,245	5811	31,746	5811	6,736
6645	0,226	6645	26,457	6645	6,261
5811	0,221	6114	25,068	1217	5,063
6114	0,209	1217	22,533	6114	4,803
4341	0,187	4341	19,228	4341	4,504
435	0,183	1417	18,955	6147	3,947
6147	0,174	6147	16,743	1417	3,715
1727	0,162	3946	16,357	3946	3,588
3946	0,160	1727	13,785	1727	3,359
4422	0,144	578	12,782	435	2,422
491	0,138	6013	9,303	578	2,327
497	0,121	435	8,841	2812	2,101
4620	0,100	1340	8,222	1340	1,964
578	0,091	2812	8,180	4422	1,749
1835	0,089	4422	8,006	566	1,696
1340	0,088	491	7,834	2146	1,677
2812	0,064	1835	7,783	6219	1,606
3425	0,063	2835	7,088	1835	1,592
6013	0,062	2146	7,013	2835	1,493
154	0,061	566	6,896	6013	1,440
2835	0,058	6542	5,066	497	1,198
1417	0,057	497	4,807	491	1,146
2324	0,052	2324	4,538	6542	1,003
566	0,051	6219	4,074	2324	0,885
2731	0,036	1837	3,556	4620	0,733
4522	0,027	4331	2,864	3425	0,593
2146	0,024	3425	2,683	154	0,432
524	0,024	154	2,633	4331	0,428
4929	0,021	524	2,463	2432	0,425
556	0,015	4620	1,808	4929	0,409
4331	0,014	4948	1,191	1837	0,337
4948	0,009	2432	1,151	524	0,274
2432	0,009	6122	0,522	4921	0,223
6748	0,007	4929	0,352	4948	0,172
1837	0,006	2731	0,005	6122	0,011
4921	0,006	4921	-0,441	4426	-0,182
4130	0,005	6748	-1,270	6748	-0,239
4426	0,001	4537	-2,331	1527	-0,438
6219	0,000	4426	-2,578	4130	-0,549
6122	-0,015	4130	-2,905	2822	-0,575
2715	-0,015	1527	-2,927	5222	-0,658
6542	-0,015	556	-3,091	2731	-0,689
4846	-0,020	2423	-3,533	2433	-0,771
2433	-0,021	2822	-3,548	2423	-0,889
6143	-0,021	2433	-4,031	4537	-1,082
2423	-0,028	5222	-4,652	556	-1,083
5222	-0,039	534	-4,742	318	-1,144

TABELA 21 – Continua...

318	-0,040	4522	-4,842	4522	-1,224
1937	-0,041	318	-5,630	6137	-1,260
2822	-0,054	6137	-5,818	3224	-1,457
4537	-0,056	3224	-6,228	534	-1,584
3224	-0,061	5140	-7,286	2715	-1,652
3528	-0,068	4846	-8,144	514	-1,661
503	-0,076	514	-8,378	5140	-1,685
1714	-0,079	2715	-8,855	4846	-1,720
6137	-0,079	6222	-9,342	232	-1,909
5140	-0,080	503	-9,517	6116	-2,074
216	-0,103	216	-9,551	6222	-2,100
6116	-0,106	1937	-9,800	216	-2,237
534	-0,109	6116	-9,809	503	-2,250
514	-0,111	232	-9,842	6143	-2,356
6222	-0,114	6423	-10,590	3528	-2,372
3518	-0,115	546	-11,173	6423	-2,383
4419	-0,117	3528	-11,266	1937	-2,408
1527	-0,119	4419	-11,603	4419	-2,412
546	-0,125	6143	-11,842	1714	-2,670
6423	-0,132	1714	-12,087	546	-2,797
1923	-0,132	1923	-14,233	1923	-3,101
232	-0,134	4934	-15,063	3518	-3,281
4934	-0,140	3011	-15,451	4934	-3,294
6968	-0,152	6968	-15,904	3011	-3,323
4639	-0,158	3518	-16,095	6968	-3,441
5911	-0,168	3238	-17,143	3238	-3,727
3011	-0,184	4722	-17,764	5911	-3,858
4722	-0,215	5911	-17,878	4722	-3,958
3238	-0,223	4639	-18,752	4639	-4,575
6136	-0,243	6136	-21,405	6136	-4,788
1712	-0,246	1712	-27,404	1712	-6,158

Combinações híbridas que excedem a média esperada para caracteres de seleção baseada na capacidade geral de combinação dos genitores são consideradas com alta capacidade de combinação específica. Resultados apresentados por Mariotti et al. (1999), Bressiani et al. (2002), Barbosa et al. (2004; 2005), evidenciaram em seus respectivos estudos que os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) foram superiores à CEC, quando considerado a variável TCH. Neste mesmo sentido, Hogarth (1977) também relatou a predominância dos efeitos aditivos para a massa média de colmos. Corroborando com os resultados obtidos no presente estudo de famílias, Bastos et al. (2003) relataram que para as variáveis TCH e TBH os efeitos gênicos não-aditivos foram mais importantes. Enquanto que outros estudos evidenciaram que os efeitos gênicos aditivos e não-aditivos foram equivalentes na expressão da variável TCH, conforme relataram Yang e Chu (1962), Hogarth (1977); Hogarth et al. (1981) e Silva et al. (2002). Uma possível explicação para a variação destes efeitos aditivos e não aditivos para estes caracteres de seleção, pode ser em função da frequência alélica, da complementariedade e da divergência dos genitores

utilizados nos cruzamentos. Ainda, fatores como o efeito do ambiente, o número de ambientes testados, o tipo de delineamento experimental, o número cruzamentos testados para cada genitor, entre outros também poderiam influenciar nos resultados obtidos, sendo uma das possíveis explicações destas variações encontradas na literatura.

Pode ser observado pelos resultados apresentados na Tabela 21, que as combinações híbridas com elevado efeito positivo da CEC foram: 449, 1910, 5811, 6645, 1217, 6114, 4341, 6147, 1417, 3946 e 1727, sendo estas originadas dos seguintes cruzamentos: RB825336 e SP80-1816, RB825548 e RB855156, RB83102 e RB855113, P80-3280 e RB845257, RB8495 e RB8317, RB835089 e RB867515, SP70-1143 e SP77-5181, SP83-5073 e RB867515, RB8495 e RB835089, SP83-2847 e RB956911, RB925211 e RB8495, respectivamente.

Verificou-se ainda que as famílias com elevados efeitos positivos para a CEC, foram provenientes de pelo menos um genitor com elevado efeito genético aditivo, conforme resultados apresentados na Tabela 17. Dentre os genitores utilizados nestes cruzamentos destacam-se os com maior efeito genético aditivo, que foram: RB825336, SP80-1816, RB825548, RB835089, RB855113, RB845257, SP80-3280, SP77-5181, RB835054 e SP70-1143, para a variável TCH, sendo praticamente os mesmos genitores para a variável TBH. Esses dados também evidenciam a importância destes genitores em elevar a produtividade de cana e de açúcar em suas respectivas progênes, relatando assim, a importância destes genitores e dos seus respectivos cruzamentos específicos com outros genitores, possibilitando progênes com maior número de clones promissores. Portanto a seleção de clones dentro de famílias com alto efeito da CEC e de genitores com elevado valor genético aditivo pode permitir aumentar a probabilidade de se encontrar clones superiores dentro destas.

Os resultados referentes ao efeito da capacidade específica de combinação (CEC), considerando as variáveis pol (%) cana, ART (%) cana, fibra (%) cana e pureza (%) cana, estão apresentados nas Tabelas 20. Em geral, foram identificadas mais de 40 famílias com efeito da capacidade de combinação positivos estas variáveis. Para pol os valores de CEC variaram 0,956 a 0,006 (% cana), e entre os dez melhores variou de 0,956 a 0,460. Para a variável ART foram identificadas 41 famílias com efeito da CEC positivos, variando de 0,885 a 0,006 (% cana), sendo que entre as dez melhores combinações o efeito da CEC variou de 0,885 a 0,451 (% cana). Para a variável fibra foram identificadas 43 famílias com efeito da CEC positivos, variando de 2,335 a 0,002 (% cana), sendo que entre as dez melhores combinações o efeito da CEC variou de 2,335 a 1,246 (% cana) e para pureza foram identificadas 40 famílias com efeito da CEC positivos, variando de 3,019 a 0,036 (% cana),

sendo que entre as dez melhores combinações o efeito da CEC variou de 3,019 a 0,793 (% cana).

Pode ser observado pelos resultados apresentados na Tabela 22, que as combinações híbridas com elevado efeito positivo da CEC foram, para mais de uma variável tecnológica foram: 232, 3528, 1527, 6116, 4426, 6222, 4419, 6147, 4130 e 4846, sendo estas originadas dos seguintes cruzamentos: L6014 e RB855536, RB925345 e RB946903, RB925211 e RB835486, RB845210 e RB867515, RB912850 e SP80-1816, RB855511 e RB925453, RB855156 e SP80-1816, SP83-5073 e RB867515, RB9350 e SP70-1143, e SP83-2847 e TUC71-7, respectivamente.

TABELA 22 - Efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para as 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para as variáveis pol (%) cana, açúcar redutores totais - ART (%) cana, fibra (%) cana, pureza (%) cana. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Pol (%) cana		ART (%) cana		Fibra (%) cana		Pureza (%) cana	
Família	Efeito	Família	Efeito	Família	Efeito	Família	Efeito
3528	0,956	3528	0,885	232	2,335	6116	3,019
1527	0,788	6147	0,697	4846	1,667	1527	2,843
4419	0,763	1527	0,694	3425	1,564	4846	1,170
6147	0,720	4419	0,632	4426	1,482	232	1,074
232	0,602	4130	0,541	4722	1,465	3518	0,973
6116	0,531	6116	0,519	3011	1,455	3528	0,939
4426	0,523	1727	0,509	2812	1,402	6219	0,920
6222	0,511	232	0,487	2822	1,249	491	0,884
1340	0,476	6222	0,479	2731	1,247	6222	0,821
4130	0,460	3946	0,451	3224	1,246	4426	0,793
3946	0,453	1217	0,426	6114	1,112	4929	0,743
4929	0,442	4929	0,424	4522	1,099	497	0,701
6219	0,416	4426	0,409	6143	1,022	435	0,689
497	0,385	1835	0,365	534	0,954	566	0,652
1217	0,379	1340	0,361	6137	0,898	1340	0,608
4341	0,376	6219	0,344	3238	0,898	514	0,571
1727	0,345	497	0,333	449	0,855	4341	0,544
1835	0,341	216	0,329	4419	0,783	2146	0,528
216	0,338	4341	0,318	6013	0,760	6147	0,504
5222	0,303	5911	0,315	4934	0,755	1835	0,446
3238	0,294	4422	0,301	3946	0,685	4419	0,442
3224	0,247	4331	0,285	318	0,673	1727	0,418
3518	0,243	1712	0,256	1910	0,669	5222	0,415
6645	0,242	3238	0,243	5222	0,430	4130	0,408
5911	0,236	6122	0,231	1923	0,416	6645	0,382
2146	0,224	5222	0,227	497	0,416	6542	0,368
514	0,216	6645	0,209	6542	0,412	524	0,365
4522	0,213	514	0,200	3518	0,393	1923	0,353
1712	0,213	4522	0,181	4921	0,381	216	0,324
4846	0,196	3518	0,177	6219	0,371	3238	0,300
491	0,180	491	0,173	6645	0,353	3224	0,285

TABELA 22 – Continua...

435	0,165	2146	0,172	6748	0,319	1217	0,279
4422	0,159	3224	0,149	503	0,290	4522	0,272
6122	0,159	4948	0,140	5140	0,207	3946	0,270
4620	0,152	4846	0,109	1937	0,176	2432	0,203
4331	0,142	4620	0,109	2146	0,172	3425	0,177
1923	0,128	1923	0,093	1340	0,148	2433	0,168
4948	0,125	435	0,067	5811	0,109	449	0,115
566	0,122	2433	0,065	3528	0,102	2812	0,074
2433	0,110	6542	0,008	5911	0,063	2822	0,036
6542	0,065	566	0,006	4331	0,005	4422	-0,013
2822	0,006	449	-0,005	566	0,004	5811	-0,039
449	-0,006	154	-0,011	6147	0,002	4331	-0,078
3425	-0,009	2822	-0,012	514	-0,018	6013	-0,079
6748	-0,047	524	-0,027	4341	-0,028	1712	-0,094
154	-0,066	3425	-0,081	2715	-0,054	6748	-0,095
524	-0,068	6423	-0,087	2835	-0,182	1714	-0,142
2731	-0,097	2423	-0,099	2324	-0,182	6122	-0,162
2423	-0,134	6748	-0,123	1217	-0,310	1837	-0,178
1837	-0,134	6968	-0,131	6222	-0,352	154	-0,198
6423	-0,155	1837	-0,171	6116	-0,408	4537	-0,238
2432	-0,160	2432	-0,199	6968	-0,440	556	-0,242
2812	-0,220	2731	-0,205	4620	-0,470	6114	-0,245
6968	-0,225	4537	-0,219	2432	-0,479	1417	-0,268
5811	-0,226	1910	-0,268	216	-0,485	1910	-0,288
6143	-0,242	578	-0,274	2433	-0,506	4620	-0,308
6137	-0,244	2812	-0,281	1527	-0,530	4948	-0,325
4537	-0,255	6143	-0,282	4537	-0,559	2731	-0,391
1910	-0,264	6013	-0,284	154	-0,559	6137	-0,418
578	-0,298	5811	-0,296	435	-0,571	2423	-0,450
6013	-0,307	2835	-0,338	1712	-0,607	6143	-0,461
6114	-0,359	546	-0,362	4130	-0,629	5911	-0,466
1417	-0,384	503	-0,363	4948	-0,681	2835	-0,474
2835	-0,422	4934	-0,366	4422	-0,683	318	-0,482
3011	-0,426	6137	-0,378	1835	-0,750	4934	-0,584
503	-0,441	3011	-0,393	1837	-0,781	3011	-0,727
4934	-0,455	6114	-0,397	524	-0,788	6423	-0,763
1714	-0,456	1417	-0,398	546	-0,830	4921	-0,808
546	-0,465	4639	-0,509	1417	-0,909	503	-0,912
318	-0,549	1714	-0,523	4929	-0,937	4639	-0,917
556	-0,645	318	-0,541	578	-1,002	5140	-1,037
4639	-0,646	2715	-0,660	2423	-1,015	6968	-1,038
2715	-0,683	556	-0,677	1714	-1,045	534	-1,216
4921	-0,745	6136	-0,718	1727	-1,106	546	-1,409
5140	-0,856	4921	-0,737	6122	-1,190	2715	-1,420
534	-0,895	1937	-0,753	6136	-1,317	1937	-1,473
6136	-0,904	534	-0,797	6423	-1,472	6136	-1,707
1937	-0,956	5140	-0,838	556	-1,762	4722	-1,933
2324	-1,216	2324	-1,017	4639	-2,373	578	-1,992
4722	-1,305	4722	-1,255	491	-2,861	2324	-2,143

4.6 DIVERGÊNCIA GENÉTICA

Os resultados referentes à análise de agrupamento pelo método de Tocher, baseado nas distâncias genéticas de Mahalanobis para os genitores utilizados nos cruzamentos biparentais de cana-de-açúcar, da série RB03, estão apresentados na Tabela 23. Pode ser observado que houve a formação de 18 grupos, baseados na distância genética de sete variáveis (diâmetro e estatura de colmos, número de perfilho por touceira, Brix (%) cana, massa média de colmo, TCH e TBH). Entre estes grupos, verifica-se que o primeiro foi formado com 52,9% dos genitores avaliados no presente trabalho. Portanto, este foi o maior grupo com 36 genótipos. No grupo dois foram agrupados três genitores, no grupo três quatro genitores, nos grupos do cinco ao doze foram agrupados dois genitores para cada um destes, sendo que nestes grupos estão 38,3% dos genótipos avaliados. Para os demais grupos formados pelo método de Tocher, houve a inclusão de apenas um genitor, representando 8,8%. Considerando os genitores incluídos a partir do segundo grupo, verifica-se que em 16 grupos formados pela análise de agrupamento de Tocher, houve a inclusão de 47,1% dos genitores avaliados na seleção de famílias. Estes resultados evidenciam haver uma base genética restrita, pois houve a formação de um grupo com grande número de genótipos. Resultados semelhantes foram relatados por Silva & al. (2005) ao estudar a divergência genética em clones da série RB91, avaliados na terceira fase de seleção de clones de cana-de-açúcar. Os autores relataram haver grande similaridade entre clones desta série, devido haver uma base genética restrita, sendo observado a inclusão de um grande número de clones no mesmo grupo, o que representou aproximadamente 83% dos genótipos avaliados nesta fase.

Entre os genitores utilizados nos cruzamentos foi observado que os genitores RB855511 e RB7512 foram os mais similares, conforme pode ser observado na Tabela 23. Já os genitores mais dissimilares foram RB768647, Q124, RB93509, RB946022, RB912825, RB946903, RB855035, SP70-1143, SP80-3280, SP83-2847, RB855453, RB867515..., em ordem decrescente de dissimilaridade, respectivamente (TABELA 23). Estes resultados podem ser um indicativo para a utilização de cruzamentos contrastantes, que poderão expressar maior efeito heterótico. Neste caso, pode ser recomendada a recombinação de genótipos mais divergentes, desde que se espere um grande efeito heterótico entre os genitores geneticamente contrastantes (FALCONER, 1981). Neste sentido, Amaral-Jr. (1986) relata que é importante estudar o efeito de cada genótipo, sendo observado a sua respectiva performance em cruzamentos, antes de indicá-lo a ser utilizado efetivamente em um programa de melhoramento.

Com base nos valores genotípicos das famílias para a variável TBH (TABELA 7), verificou-se que entre os dez melhores cruzamentos para esta característica, todos foram provenientes de cruzamentos entre genitores de diferentes grupos, conforme classificação obtida pelo método de agrupamento de Tocher. Os referidos cruzamentos foram: RB825336 e SP80-1816, SP70-1143 e SP77-5181, RB825548 e RB855156, SP80-3280 e RB845257, RB735200 e SP77-5181, RB8495 e RB8317, RB83102 e RB855113, RB835089 e RB867515, CO62-175 e RB92579, e RB925211 e RB8495. Ao observar os vinte melhores nota-se que apenas quatro famílias foram originadas de genitores classificado no mesmo grupo. Estes resultados evidenciam que cruzamentos divergentes podem ser explorados visando a obtenção de famílias com maior valor genotípico, conforme pode ser observado pela classificação dos seus respectivos genitores (TABELA 23). Em contrapartida, verificou-se que para os piores valores genotípicos das famílias para a variável TBH, conforme apresentado na Tabela 8, foram identificadas apenas duas famílias originárias entre genitores que foram classificados dentro do mesmo grupo de similaridade pelo método de Tocher, sendo os demais de grupos diferentes. Os baixos valores genotípicos pode ser explicado em função do baixo valor genético aditivo dos genitores envolvidos nos respectivos cruzamentos, pois apenas a família 5911 (RB855536 e RB855156) teve um genitor com efeito genético aditivo positivo (RB855156: $a=3,106$). Nota-se ainda que esta família apresentou elevado CEC, porém com efeito negativo ($-3,858$).

O gráfico de dendrograma gerado a partir das variáveis analisadas no presente estudo de famílias entre os 69 genitores utilizados para a formação das respectivas famílias de irmãos germanos está apresentado na Figura 3. A técnica de agrupamento hierárquico interliga as amostras por suas associações, produzindo um dendrograma onde as amostras semelhantes, segundo as variáveis escolhidas, são agrupadas entre si. A suposição básica de sua interpretação é quanto menor a distância entre os pontos, maior a semelhança entre as amostras. Portanto, o dendrograma é especialmente útil para a visualização de semelhanças entre amostras, genitores, representados por pontos em espaço com dimensão maior do que três, onde a representação de gráficos convencionais não é possível (MOITA NETO e MOITA, 1998).

Entretanto, a simples observação do dendrograma não permitiu evidenciar alguma tendência forte de agrupamento. Isto ocorreu devido a elevada sobreposição entre os genitores utilizados nos cruzamentos de irmãos germanos utilizados no presente estudo. Estes resultados evidenciam a proximidade genética entre os grupos formados, conforme pode ser observado na análise de agrupamento de Tocher (TABELA 23) e no dendrograma obtido pelo método do vizinho mais próximo (FIGURA 3). Portanto, isto pode ser um

indicativo de alta similaridade apresentada entre os genitores e da inexistência de agrupamentos fortes, homogêneos, entre si e heterogêneos com os demais grupos formados (ARRO, 1995; BUSATO et al., 2004).

TABELA 23 - Análise de agrupamento pelo método de Tocher a partir das Distâncias Genéticas de Mahalanobis, entre os genitores utilizados em cruzamentos biparentais de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Grupo	Genótipos					
	RB768647	Q124	RB93509	RB946022	RB912825	RB946903
	RB855035	SP70-1143	SP80-3280	SP83-2847	RB855453	RB867515
1	SP83-5073	SP801842	TUC77-42	SP70-2233	RB855036	IAC87-3396
	RB813804	RB735200	RB9350	RB912850	RB956911	RB931555
	CO62175	RB845197	RB928064	RB721012	RB855046	RB945991
	RB92606	SP81-3250	RB966928	RB845210	SP79-1011	RB806043
2	RB835486	RB855463	RB865463			
3	RB855536	L6014	RB855206	RB945961		
4	RB845257	SP80-1816	RB855156			
5	RB92579	SP77-5181				
6	RB925453	RB925345				
7	RB825336	RB825548				
8	RB94701	IAC52-326				
9	RB855113	RB8317				
10	RB8317	RB955595				
11	RB72454	RB83102				
12	RB925211	RB8495				
13	TUC71-7					
14	RB855595					
15	RB947501					
16	RB835089					
17	RB855511					
18	RB75126					

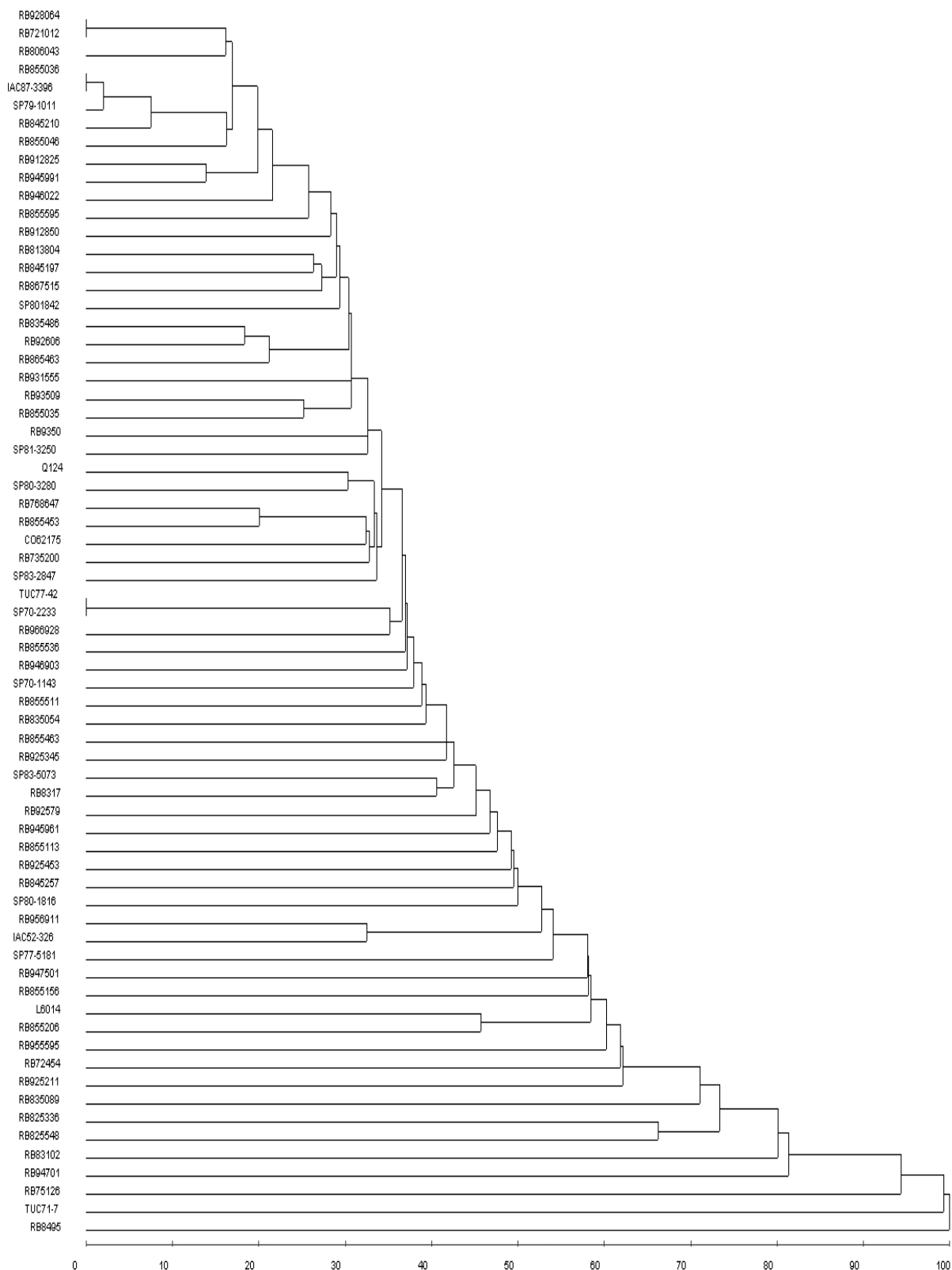


FIGURA 3 - Dendrograma obtido pelo método do vizinho mais próximo a partir da matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis, entre 69 genitores utilizados em cruzamentos biparentais de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Pelos resultados de divergência genética (TABELAS 19 e 20, e FIGURA 3) e pelos valores genotípicos das melhores famílias (TABELA 8), verificou-se que algumas famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar foram provenientes de cruzamentos em que seus respectivos genitores apresentaram maior distância genética. Estes resultados evidenciam a possibilidade de ser explorados cruzamentos como maior possibilidade de se manifestar efeito heterótico. Importante considerar ainda que a presença de complementariedade entre os cruzamentos, pode ser explorada, o que possibilitaria obter populações originadas de combinações específicas e possivelmente com maior efeito heterótico. Para confirmar esta hipótese, podem ser observados os resultados apresentados na Tabela 21, pelas melhores famílias, para as variáveis TCH e TBH (TABELA 8). Outra forma seria pela performance de seus respectivos genitores e pelas distâncias entre estes (TABELAS 15 e 21, e FIGURA 3). Uma das explicações de alguns cruzamentos apresentarem elevado potencial para caracteres de seleção relacionados com a produção de açúcar por área, como TBH, seria a presença destas combinações híbridas entre genitores complementares e mais divergentes.

De acordo com os resultados obtidos pela análise de agrupamento pelo método vizinho mais próximo (FIGURA 3), foi observado que houve cruzamentos com elevado valor genotípico para respectiva progênie (família), o que pode ter sido proporcionado devido à presença de divergência entre os genitores. Considerando a distância genética em porcentagem (%) das nos melhores cruzamentos para a variável TBH, verificou-se que a distância entre os genitores utilizados nestes cruzamentos variou de 10% a 80%. Sendo que para o cruzamento entre RB825336 e SP80-1816 (449) foi de 26%, SP70-1143 e SP77-5181 (4341) foi de 71%, RB825548 e RB855156 (1910) foi de 8%, SP80-3280 e RB845257 (6645) foi de 23%, RB735200 e SP77-5181 (435) foi de 37%, RB8495 e RB8317 (1217) foi de 20%, RB83102 e RB855113 (5811) foi de 75%, RB835089 e RB867515 (6114) foi de 6%, CO62175 e RB92579 (491) foi de 58%, RB925211 e RB8495 (1727) foi de 14%, RB768647 e RB92579 (497) foi de 28%.

Para as famílias com menores valores genotípicos para TBH, verificou-se que o cruzamento IAC87-3396 e RB855036 (6968), essa distância foi de 2%, para RB855536 e SP801842 (6423) foi de 2%, para RB94701 e RB867515 (6136) foi de 13% e para RB855595 e RB945961 (3238) foi de 22%.

De acordo com estes resultados, verifica-se que houve cruzamentos divergentes entre genitores, apresentando elevados valores genotípicos em suas respectivas famílias. Da mesma forma, foi observado que cruzamentos entre genitores próximos geneticamente proporcionaram a formação de famílias com baixo valor genotípico. Entretanto, nota-se ainda, que apenas a presença de divergência genética entre os genitores utilizados nos

cruzamentos de irmão germanos não foi suficiente para explicar o desempenho de todos os cruzamentos. Este efeito foi devido à presença de complementariedade entre certos genitores de cana-de-açúcar. Isto pode ser confirmado, pelos resultados de CEC apresentados pelas melhores famílias (TABELA 21).

5 CONCLUSÕES

De acordo com os resultados obtidos neste trabalho pode-se concluir que:

As herdabilidades médias em nível de famílias (\hat{h}_{mf}^2) apresentam elevada magnitude, o que permite elevada acurácia seletiva entre famílias.

A variação genética entre as famílias para as variáveis Brix (%) cana e estatura de colmos são explicadas em função dos efeitos genéticos aditivos. A massa média de colmo e fibra (%) cana são explicados pelos efeitos genéticos não aditivos. O diâmetro de colmos, número de perfilhos por touceira, massa média de colmo, tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH), pol (%) cana, ART (%) cana e pureza (%) cana são explicados tanto pelos efeitos genéticos aditivos e como pelos efeitos genéticos não aditivos.

Foi possível identificar famílias com elevados valores genotípicos para caracteres de produção e tecnológicos, possibilitando a maior probabilidade de selecionar genótipos superiores ao utilizar famílias superiores.

Foi possível identificar genitores capazes de elevar a produtividade de cana (TCH) e açúcar (TBH), sendo observado a superioridade de algumas combinações híbridas evidenciando acentuado grau de complementação gênica (CEC).

A seleção via método BLUPIS permite alta eficiência seletiva permitindo obter informações das progênies híbridas por meio de colheita total das parcelas.

As melhores famílias em produtividade de massa (TCH) e açúcar (TBH), e com elevada capacidade específica de combinação (CEC) são provenientes de cruzamentos entre genitores divergentes.

6 REFERÊNCIAS ¹³

ALCOPAR. **Estatísticas: histórico de produção da cana-de-açúcar no Brasil e no Paraná.** 2007. (<http://www.alcopar.org.br/>). <acesso em junho de 2007>.

AMARAL JR, A. T. **Análise dialéctica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill) via marcadores RAPD.** Viçosa : 1996. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.

ARRO, J. A. **Genetic diversity among sugarcane clones using target region amplification polymorphism (TRAP) markers and pedigree relationships.** Louisiana State : 1995. 87p. Thesis (Master of Science) - Faculty of the Louisiana State University and Agricultural and Mechanical College, University of the Philippines.

BARBOSA, M. H. P.; BASTOS, I. T.; SILVEIRA, L. C. I.; OLIVEIRA, M. W. Análise de causa e efeito para produção de colmos e seus componentes na seleção de famílias de cana-de-açúcar. In: 8º Congresso Nacional da STAB, 2002, Recife - Pernambuco. **Anais...**, p.366-370, 2002.

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

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; SILVA, F. L.; FIGUEIREDO, I. C. R. Use of Reml/Blup for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** : Viçosa, v.4, p.218-226, 2004.

¹³ Normas da UFPR e PGAPV:
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ. **Referências.** Curitiba : Ed. da UFPR, 2000. 42p. (Normas para apresentação de trabalhos; 3).
RONZELLI JR, P. **Projetos de pesquisa, dissertação e teses; um ensaio prático.** Curitiba, 2001. 43p.

BASTOS, I. T. **Capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*)**. Viçosa : 2001, p.48. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; BURNQUIST, W. L.; BRESSIANI, J. A.; SILVA, F. L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v.62, p.199-206, 2003.

BERDING, N.; OWENS, W. G.; LE BROCCQ, D. G. Genetic diversity; breeding to avoid future vulnerability. **Proceedings...** Australian Society of Sugarcane Technologists, v.20, p.140-147, 1998.

BONNETT, G.; CASU, R.; RAE, A.; GROF, C.; GLASSOP, D.; MCINTYRE, L.; MANNERS, J. Identification of genes contributing to high sucrose accumulation in sugarcane. In: 4th International Crop Science Congress, 2004. **Anais...** Disponível em <www.cropscience.org.au>

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa : UFV, 4.ed, 2005. 500p.

BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. Piracicaba : 2001. 159p. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

BRESSIANI, J. A.; BURNQUIST, W. L.; FUZATTO, S. R.; BONATO, A. L.; GERALDI, I. O. Combining ability in eight selected clones of sugarcane (*Saccharum spp.*). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.3, p.411-416, 2002.

BROWN, A. H. D.; DANIELS, J.; LATTER, B. D. H.; 1968. Quantitative genetics of sugarcane. I. Analysis of variation in a commercial hybrid sugarcane population. **Theoretical and Applied Genetics**, 38, 361–369, 1968. (Abstract)

BROWN, A. H. D.; DANIELS, J.; LATTER, B. D. H.; 1969. Quantitative genetics of sugarcane. II. Correlation analysis of continuous characters in relation to hybrid sugarcane breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, 39, 1–10, 1969. (Abstract)

BUSATO, G. R.; GRUTZMACHER, A. D.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; ZIMMER, P. D.; KOPP, M. M.; BANDEIRA, J. M.; MAGALHÃES. Análise da estrutura e diversidade molecular de populações de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (*Lepidoptera: Noctuidae*)

associadas às culturas de milho e arroz no Rio Grande do Sul. **Neotropical Entomology**, v.33, n.6, p.709-716, 2004.

CALIJA, V.; HIGGINS, A. J.; JACKSON, P. A. BIELING, L. M.; COOMANS, D. An operations research approach to the problem o the sugarcane selection. **Annals of Operations Research** : Netherlands, v.108, p.123-142, 2001.

CAMARGO, P. N. **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Piracicaba: ESALQ, 1968. 38p.

CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Central de informações agropecuárias: safras – cana**. 2007. (<http://www.conab.gov.br>). <acesso em julho de 2007>.

CARDOSO, C. O. M.; SANGUINO, A. Ferrugem da cana-de-açúcar. 1988, p.609-625. In Seminário de Tecnologia Agronômica Copersucar, 4. **Anais...** Copersucar, Piracicaba. 1988. 670 p.

COX, M. C.; HOGARTH, D. M. The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program. In: Australian Plant Breeding Conference, v.10. Bundaberg, 1993. **Proceedings...** Brisbane, p.53-54, 1993.

COX, M. C.; HOGARTH, D. M.; MULLINS, R. T. Clonal evaluation of early sugar content. **Proceedings...** Australian Society of Sugarcane Technologists, v.12, p.90-98, 1990.

COX, M. C.; STRINGER, J. K. Efficacy of early generation selection in a sugarcane improvement program. **Proceedings Australian Society Sugarcane Technologists**. v. 20, p148-153, 1998.

COX, M.; HOGARTH, M.; SIMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, M.; ALLSOPP, P (ed.). **Manual of cane growing**. PK Editorial Servise, Brisbane, p.91-108, 2000.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa : Imprensa Universitária da UFV, 2001. 442p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG : Editora da UFV, v.2, 2003. 585p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG : Editora da UFV, ed.1, 1994. 390p.

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; RAO, S.; BERDING, N.; GLASZMANN, J.-C. Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. **Mol. Gen. Genet**, v.250, p.405–413, 1996.

DANIELS, J.; ROACH, B. T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D. J. (ed.). *Sugarcane Improvement Through Breeding*. **Elsevier** : Amsterdam, p.7-84, 1987.

DILLEWIJN, C. V. **Botany of sugarcane**. The Chronica Botanica : Waltham, 1952. 371p.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de média de tratamentos genéticos. **Scientia Agrícola** : Piracicaba, SP, v.58, p.109-117, 2001.

EMBRAPA, Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 1999. 412 p.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. London : Longman Group, 2ed, 1981. 340p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes* L). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.23, n.2, p.320-324, 2001.

FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Sociedade dos técnicos açucareiros e alcooleiros do Brasil : STAB, Piracicaba, SP, 2000. 193p.

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

GLAZ, B.; EDME, S. J.; MLLER, J. D.; MILLIGAN, S. B.; HOLDER, D. G. Sugarcane cultivar response to high summer water tables in the Everglades. **Agronomy Journal**, Madison, v.94, p.624-629, 2002.

HOARAU, J. Y.; GRIVET, L.; OFFMAN, B.; RABOIN, L. M., DIORFLAR, J. P., PAYET, J., HELLMAN, M., D'HONT, B., GLASZMANN, J. C. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum* spp.). II. Detection of QTLs for yield components. **Theoretical and Applied Genetics**, 105, 1027–1037, 2001.

HOGARTH, D. M. Genetics of sugarcane. In: Heinz, D.J. (Ed.) **Sugarcane Improvement Through Breeding**. Elsevier, Amsterdam, pp. 255–271, 1987.

HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies in sugar cane. III The effect of competition and violation of assumptions on estimation of genetic variance components. **Australian Journal Research** : North Brisbane, v.28, p.257-268, 1977.(Abstract)

HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies in sugarcane.I. Estimation of variance components. **Australia Journal Agriculture**. 22, 93–192,1971a. (Astract)

HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies in sugarcane; II: correlations and predicted responses to selection. **Australia Journal Agriculture**, v.22, p.103-109, 1971b. (abstract)

HOGARTH, D. M.; WU, K. K.; HEINZ, D. J. Estimating genetic variance in sugar cane using a factoring cross design. **Crop Science** : Madison, v.21, p.21-25, 1981. (Abstract)

IAPAR, INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANA. **Cartas climáticas do Estado do Paraná**. Londrina-PR : IAPAR, 2000.

IAPAR, INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. **Cartas climáticas do Estado do Paraná 1994**. Londrina, 1994, 49 p. (IAPAR. Documento, 18)

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, v.92, p.277-290, 2005.

JACKSON, P. A. Genetic relationships between attributes in sugarcane clones closely to *Saccharum spontaneum*. **Euphytica**, v.79, p.101-108, 1994.

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

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

JACKSON, P. A.; MCRAE, T. A.; BULL, J. K. The role of family selection in sugarcane breeding programs and the effect of genotype x environment interactions. **Proceedings...** International Society of Sugarcane Technologists. v.22, p.261-269, 1995.

KALIL FILHO, A. N.; RESENDE, M. D. V.; KALIL, G. P. C. Componentes de variância e predição de valores genéticos em seringueira pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.9, p.1883-1887, 2000.

KANG, M. S.; MILLER, J. D.; TAI, P. Y. P. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science**, Madison, v.22, p.643-647, 1983.

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

KIMBENG, C. A.; FROYLAND, D. A.; CORCORAN, A.; HETHERINGTON, M. An appraisal of early generation selection in the central Queensland sugarcane improvement program. **Proceedings...** Australian Society Sugarcane Techologists, v.23, p.129-135, 2001b.

KIMBENG, C. A.; MCRAE, T. A.; COX, M. C.; STRINGER, J. K. Optimising early generation selection in sugarcane breeding. **Proceedings...** International Society Sugarcane Technologists. v. 24, n. 2, 448-493, 2001a.

KIMBENG, C. A.; MCRAE, T. A.; STRINGER, J. K. Gains from family and visual selection in sugarcane, particularly for heavily lodged crops in the Burdekin region. **Proceedings...** Australian Society Sugarcane Technologists, v.22, p.163-169, 2000.

LARCHER, W. **Ecofisiologia Vegetal**. Tradução : PRADO, C. H. B. A. Editora RiMa : São Paulo, 2000, 531p.

LEME, E. J. A.; MANIERO, M. A.; GUIDOLIN, J. C. Estimativa da área foliar da cana-de-açúcar e sua relação com a produtividade. **Cadernos Planalsucar**, Piracicaba, n.2, p.3-22, 1984.

MACHADO, E. C.; PEREIRA, A. R.; FAHL, J. I.; ARRUDA, H. V.; CIONE, J. Índices biométricos de duas variedades de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.17, n.9, p.1323-1329, 1982.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings...** Proceedings of National Institute of Sciences, Índia. n.2, p.49-55, 1936.

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

MARTINEZ, D. T. **Seleção genética de *Acacia mearnsii* de Wild. (acácia-negra) visando o aumento da qualidade e produtividade de madeira e tanino no rio grande do sul.** Curitiba : 2006. 90 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal do Paraná.

MATSUOKA, S. **Botânica e ecofisiologia da cana-de-açúcar:** In: CURSO DE QUALIFICAÇÃO EM PLANTAS INDUSTRIAIS – Cana-de-açúcar. Maringá : UFPR/SENAR, 1996. 34p. (Apostila)

MATSUOKA, S.; GARCIA A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas.** Universidade Federal de Viçosa, Viçosa : Editora da UFV, p.205-251, 2005.

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

MILLIGAN, S. B.; MARTIN, F. A.; BISCHOFF, K. P.; QUEBEDEAUX, J. P.; DUFRENE, E. O.; QUEBEDEAUX, K. L.; HOY, J. W.; REAGAN, T. E.; LEGENDRE, B. L.; MILLER, J. D. Registration of 'LCP 85-384' sugarcane. **Crop Science**, v.34, p.819-820, 1994.

MING, R.; WANG, Y. W.; DRAYE, X.; MOORE, P. H.; IRVINE, J. E.; PATERSON, A. H. Molecular dissection of complex traits in autopolyploids: mapping QTLs affecting sugar yield and related traits in sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, 105, 332–345, 2002.

MOITA NETO, J. M.; MOITA, G. C. Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova**, v.21, n.4, p.467-469, 1998.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; ZAMBOM, J. L.; WEBER, H.; IDO, O. T.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZUFFELLATO RIBAS, K. C.; SILVA, D. K. T. Desenvolvimento da área foliar em três cultivares de cana-de-açúcar e sua correlação com a produção de biomassa. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, n.2, p.71-76, 2007.

OLIVEIRA, R. A.; RESENDE, M. D. V.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; KOEHLER, H. S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the State of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.426-434, 2005.

OLIVEIRA, V. R.; RESENDE, M. D. V.; NASCIMENTO, C. E. S.; DRUMOND, M. A.; SANTOS, C. A. F. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos REML/BLUP. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jabotocabal : SP, v. 26, n.1, p. 53-56, 2004.

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** : Brasília, v.37, n.6, p.799-807, 2002.

PALUDZYSZYN-FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Early evaluation and selection for growth in *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.12, p.1719-1726, 2002.

PINTO-JÚNIOR, E. J. **REML/BLUP para análise de múltiplos experimentos no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. Curitiba : 2004. 113p. Tese (Doutorado em Agronomia, Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná.

PIRES, C. E. L. S. **Diversidade genética de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) cultivadas no Brasil**. Piracicaba : 1993. 120p. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

PRADO, H. **Solos do Brasil: gênese, morfologia, classificação, levantamento, manejo agrícola e geotécnico**. 3 ed. ver. amp. Piracicaba - SP, 2003.

RAMESH, P.; MAHADEVASWAMY, M. Effect of formative phase drought on different classes of shoots, shoot mortality, cane attributes, yield and quality of four sugarcane cultivars. **Journal Agronomy & Crop Science**. Berlim, v.185, p.249-258, 2000.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York : John Wiley and Sons, 1952. 390 p.

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

RESENDE, M. D. V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. Curitiba : 1999. 434 f. Tese (Doutorado em Genética) - Universidade Federal do Paraná.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen Reml/Blup**. Embrapa Florestas : Colombo, 2002a. 67p. (Documentos 77)

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

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Embrapa Florestas : Colombo, 2004. 65 p. (Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen Reml/Blup**. Embrapa Informação Tecnológica, Campo Grande, 2007a. 299p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 703p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica : Colombo, 2005. 130p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** : Brasília, v.41, n.3, p.421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. C. S. Procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v.60, n.3, p.185-193, 2001.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação de parâmetros genéticos no melhoramento de Eucalyptus: seleção em um caráter com base em informações o indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p.11-36, 1994.

RESENDE, M. D. V. de; MORAES, M. L. T.; PAIVA, J. R. Comparação de métodos de avaliação genética e seleção no melhoramento da seringueira. **Revista Floresta**, Curitiba, v.26, n.1/2, p.25-47, 1996a.

RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C. K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal** : Colombo, n.32/33, p.18-45, 1996c.

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

RESENDE, M. D. V. ; STURION, J. A.; CARVALHO, A. P.; SIMEÃO, R. M.; FERNANDES, J. S. C. **Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênies, indivíduos e clones**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 66 p. (Circular Técnica, n.43).

ROACH, B. T. Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. **Proceedings...** Australian Society of Sugarcane Technologists, v.11, p.34-47, 1989.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT® software**: changes and enhancements through release 6.12. Cary: Statistical Analysis System Institute, 1997. 1167 p.

SEARLE, S. R. **Linear models for unbalanced data**. New York : John Wiley & Sons, 1987. 536p.

SELVIA, A.; NAIR, N. V.; NOYER, J. L.; SINGH, N. K; BALASUNDARAM, K. C.; BANSAL, K. C.; KOUNDAL, K. R.; MOHAPATRA. Genomic constitution and genetic relationship among the tropical and subtropical indian sugarcane cultivars revealed by AFLP. **Crop Science** : Madison, v45, p.1750-1757, 2005.

SILVA, G. M.; VIDIGAL-GONÇALVES M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; SCAPIM, C. A.; DAROS, E.; SILVÉRIO, L. Genetic diversity among sugarcane clones (*Saccharum* spp.). **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá : UEM, v.27, p.315-319, 2005.

SILVA, M. A.; LANDELL, M. G. A.; GONÇALVES, P. S.; BRESSIANI, J. A.; CAMPANA, M. P. Estimates of general and specific combining ability for yield components in a partial sugarcane diallel cross. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.4, p.107-112, 2002.

SIMEPAR. **Dados meteorológicos do Estado do Paraná**: contato. 2007. (www.simepar.pr.gov.br). <acesso em março de 2007>.

SKINNER, J. C. Efficiency of bunch-planted and single-planted seedlings for selecting superior families in sugarcane. **Euphytica** : Netherlands, v.31, n.2, p. 523-537, 1982. (Abstract)

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

SOUZA JR., C. L. **Componentes de variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba : FEALQ, 1989. 134p.

SOUZA, A. G. C.; RESENDE, M. D. V.; SOUZA, N. R. The cupuaçu genetic improvement of Embrapa Amazônia Ocidental. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.2, n.3, p. 471-478, 2002.

STRINGER, J. K. Best linear unbiased prediction (BLUP) is a faster and more cost effective method of estimating breeding value in sugarcane. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES. Noosa, 2000. **Proceedings...** QFRI/CRC-SPF Symposium. Brisbane : QFRI/CRC/SPF, p.505-509, 2000.

STRINGER, J. K.; MCRAE, T. A.; COX, M. C. Best linear unbiased prediction as a method of estimating breeding value in sugarcane. In: WILSON, H.; HOGARTH, D. M.; CAMPBELL, S.;

GARSDALE, G. (ed). **Sugarcane**: research towards efficient and sustainable production. Brisbane : CSIRO, P.39-41, 1996.

TAIZ, L.; ZEIGER, E.; trad. SANTARÉM, E. R. et al. **Fisiologia vegetal**. 3.ed., Porto Alegre : Editora Artmed, 2004. 719p.

TAVARES, R. C. **Melhoramento de cana-de-açúcar**. 2002. (<http://www.ufv.br/dbg>). <acesso em maio de 2007>

TERAUCHI, T.; MATSUOKA, M. Ideal characteristics for the early growth of sugarcane. **Japanese Journal of Crop Science**. Japan, v.69, n.3, p.286-292, 2000.

TERAUCHI, T.; NAKAGAWA, H.; MATSUOKA, M.; NAKANO, H. Comparison of the early growth between sugarcane and sweet sorghum. **Japanese Journal of Crop Science**. Japan, v.68, n.3, p.414-418, 1999.

TOMKINS, J.P.; YU, Y., MILLER, S.H.; FRISCH, D.A.; WOO, S.S.; WING, R.A. A bacterial artificial chromosome library for sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, v.99, p.419–424, 1999.

YANG, T. C.; CHU, C. C. Evaluation of combining ability in sugarcane: part 1. **Report of Taiwan Sugar Experimental Station Tainan**, v.26, p.1-10, 1962.

ANEXOS

ANEXOS

ANEXO 1 - Temperatura média máxima (°C), temperatura média mínima (°C), temperatura média mínima (°C) e precipitação mensal (mm) entre o período de janeiro de 2004 à julho de 2006. Estação Meteorológica de Cianorte, SIMEPAR¹, PR. 2004-2006.

Mês/Ano	Temperatura (°C)			Precipitação (mm)
	Média Máxima	Média Mínima	Média	
jan/04	34	19,2	25,3	149,8
fev/04	32,4	18,3	24,3	115,5
mar/04	31,9	17,3	23,6	65,8
abr/04	29,6	18,0	22,5	141,8
mai/04	21,6	11,2	15,8	293,2
jun/04	23,3	10,0	15,8	92,0
jul/04	23,2	11,6	16,5	100,1
ago/04	27,7	10,4	18,2	4,8
set/04	31,1	15,3	22,5	70,8
out/04	28,4	15,3	21,4	272,2
nov/04	29,2	17,4	23	204,6
dez/04	30,2	18,5	23,6	162,1
jan/05	29,1	20,6	23,9	371,6
fev/05	32,5	18,3	24,8	11,3
mar/05	33,2	18,8	25,2	26,3
abr/05	30,2	18,2	23,2	89,0
mai/05	27,1	13,0	19,3	39,5
jun/05	26,0	13,8	18,9	85,4
jul/05	23,4	9,4	15,5	52,7
ago/05	28,0	10,8	18,5	36,5
set/05	24,0	13,1	18,0	228,1
out/05	29,9	18,2	23,0	282,2
nov/05	30,6	18,3	23,9	124,1
dez/05	30,2	18,9	23,8	123,0
jan/06	31,8	20,2	24,9	72,8
fev/06	31,6	19,4	24,2	102,8
mar/06	31,9	20,1	24,9	107,4
abr/06	28,6	15,8	21,4	67,1
mai/06	24,9	9,9	16,7	23,3
jun/06	25,7	11,7	17,8	37,4
jul/06	27,0	11,0	18,1	21,7

Nota¹ - Dados disponibilizados pelo Instituto Tecnológico SIMEPAR, Curitiba, PR, 2007 (SIMEPAR, 2007).

ANEXO 2 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter diâmetro de colmo (cm), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	-3203,90	10,490 **	0,042885	0,481856
Efeito da Parcela	-3180,17	34,220 **	0,008797	0,047353
Efeito do Bloco	-3196,27	18,120 **	0,00223	0,012002
Efeito de Dominância (CEC)	-3208,11	6,280 *	0,011658	0,062752
Completo	-3214,39			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (***) de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo.

ANEXO 3 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter estatura de colmo (m), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	-3352,19	6,660 *	0,069533	0,929161
Efeito da Parcela	-3188,25	170,600 **	0,022451	0,101551
Efeito do Bloco	-3324,94	33,910 **	0,001073	0,004855
Efeito de Dominância (CEC)	-3357,92	0,930 ns	0,033971	0,153661
Completo	-3358,85			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (***) de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo.

ANEXO 4 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter número de perfilhos por touceira, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	17208,1800	12,670 **	3,51999	0,159561
Efeito da Parcela	17195,7400	0,230 ns	0,166034	0,004418
Efeito do Bloco	17200,11	4,600 *	1,203552	0,032028
Efeito de Dominância (CEC)	17245,72	50,210 **	0,618994	0,016472
Completo	17195,51			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (***) de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo.

ANEXO 5 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter Brix (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	7647,64	10,870 **	2,066943	1,027346
Efeito da Parcela	7855,70	218,930 **	0,485916	0,107109
Efeito do Bloco	7671,07	34,300 **	0,004872	0,001074
Efeito de Dominância (CEC)	7636,82	0,050 ^{ns}	0,648439	0,142934
Completo	7636,77			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1%(**) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.

ANEXO 6 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter massa de um colmo (kg), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	-880,02	3,540 *	0,035587	0,447971
Efeito da Parcela	-879,30	4,260 *	0,005407	0,016771
Efeito do Bloco	-850,11	33,450 **	0,000553	0,001715
Efeito de Dominância (CEC)	-850,11	33,450 **	0,027207	0,084395
Completo	-883,56			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1%(**) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.

ANEXO 7 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter tonelada de cana por hectare (TCH), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	33992,18	5,090 *	955,853	0,614028
Efeito da Parcela	34322,59	335,500 **	743,7151	0,172817
Efeito do Bloco	33998,42	11,330 **	88,28056	0,020514
Efeito de Dominância (CEC)	33993,04	5,950 **	421,6536	0,097979
Completo	33987,09			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1%(**) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.

ANEXO 8 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter tonelada de Brix por hectare (TBH), em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	22303,09	4,970 *	42,78793	0,638706
Efeito da Parcela	22606,97	308,850 **	31,29824	0,163765
Efeito do Bloco	22311,18	13,060 *	3,205436	0,016772
Efeito de Dominância (CEC)	22302,6	4,480 **	19,81997	0,103706
Completo	22298,12			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (***) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.

ANEXO 9 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter pol (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	237,78	7,130 **	0,734231	1,527273
Efeito do Bloco	296,51	65,860 **	0,386828	0,238579
Efeito de Dominância (CEC)	257,47	26,820 **	0,435517	0,268608
Completo	230,65			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (***) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.

ANEXO 10 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter ART (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	195,90	5,720 *	0,514773	1,446342
Efeito do Bloco	265,74	75,560 **	0,375467	0,273155
Efeito de Dominância (CEC)	217,69	27,510 **	0,368328	0,26796
Completo	190,18			

Nota ¹ - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (***) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.

ANEXO 11 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter fibra (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	284,86	0,010 ^{ns}	0,018494	2,088708
Efeito do Bloco	345,98	61,130 ^{**}	0,442528	0,221572
Efeito de Dominância (CEC)	352,60	67,750 ^{**}	1,038279	0,519862
Completo	284,85			

Nota - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.

ANEXO 12 - Resultados da análise de deviance (ANADEV) para o caráter pureza (%) cana, em 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

EFEITOS	DEVIANCE	χ^2 (1)	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo (CGC)	798,94	4,620 [*]	4,58585	0,485647
Efeito do Bloco	1025,37	231,050 ^{**}	16,74084	0,649530
Efeito de Dominância (CEC)	800,94	6,620 [*]	1,982775	0,07693
Completo	794,32			

Nota - χ^2 : Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5%^(*) e 1%^(**) de probabilidade, respectivamente, e ^(ns) não significativo.