

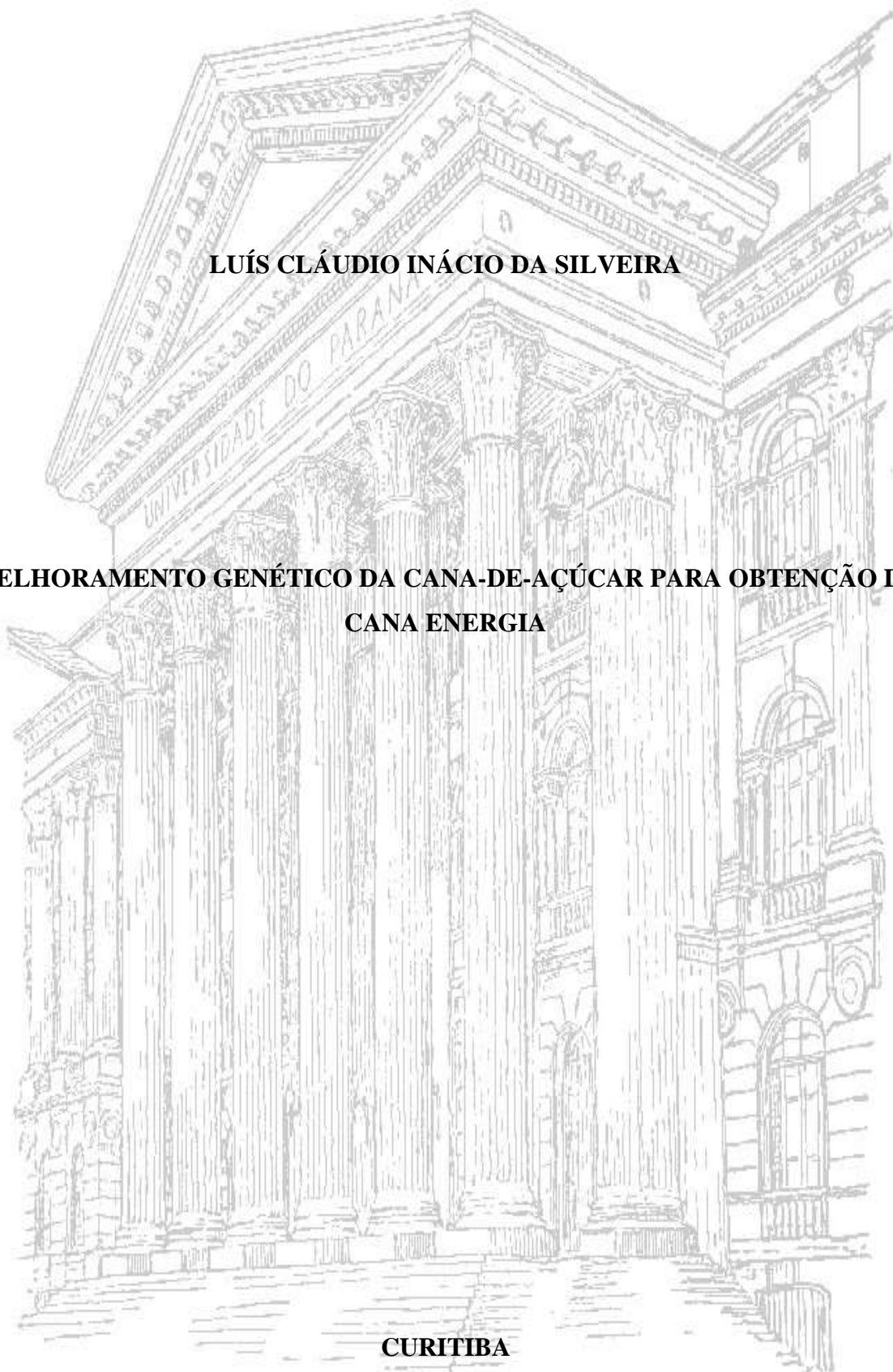
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

LUÍS CLÁUDIO INÁCIO DA SILVEIRA

**MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA OBTENÇÃO DE
CANA ENERGIA**

CURITIBA

2014



LUÍS CLÁUDIO INÁCIO DA SILVEIRA

**MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA OBTENÇÃO DE
CANA ENERGIA**

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

Orientador: Prof. Dr. Edelclaiton Daros

Co-orientador: Prof. Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa

Co-orientador: Eng^o Agrônomo Dr. Heroldo Weber

CURITIBA

2014



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
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 **LUIS CLÁUDIO INÁCIO DA SILVEIRA**, sob o título "**MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA OBTENÇÃO DE CANA ENERGIA**", 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.

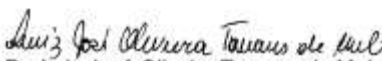
Após haver analisado o referido trabalho e argüido o candidato são de parecer pela "**APROVAÇÃO**" da Tese.

Curitiba, 08 de Dezembro de 2014.


Professor Dr. Cícero Deschamps
Coordenador do Programa


Professor Dr. Geraldo Veríssimo de Souza Barbosa
Primeiro Examinador


Professor Dr. Hermann Paulo Hoffmann
Segundo Examinador


Dr. Luiz José Oliveira Tavares de Melo
Terceiro Examinador


Dr. Antonio Marcos Iaia
Quarto Examinador


Dr. Heroldo Weber
Quinto Examinador


Professor Dr. Edelclaiton Daris
Presidente da Banca e Orientador

*A Deus,
A minha querida esposa Angela e aos
Meus filhos, Diego e Marcelo
Dedico*

Como pesquisador da complexa inteligência , não me curvaria diante de nenhuma autoridade política e de nenhuma celebridade, mas me curvaria diante de todos os professores e alunos do mundo. São eles que podem mudar o teatro social. São atores insubstituíveis.

Augusto Cury

Aos meus pais, irmãos e madrinha Juraci.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela disposição, esperança e pela vida.

Ao Prof. Dr. Edelclaiton Daros pela orientação, pela amizade sincera, paciência em orientar e constante motivação para alcançar este objetivo.

Ao Prof. Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa e ao Engenheiro Agrônomo Dr. Heroldo Weber, pela Co-orientação neste trabalho.

Ao Prof. Dr. Roberto de Aquino Leite, pela amizade e apoio durante a graduação e demais fases da minha trajetória acadêmica.

Ao Programa de Pós-graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Paraná pela oportunidade de realizar os estudos necessários para a conclusão do doutorado.

A Universidade Federal de Viçosa, através do Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia e do Setor PGP, que possibilitaram e sempre acompanharam as etapas deste trabalho.

Aos Professores Dr. João Carlos Bepalhok Filho, Dr. Ricardo Augusto de Oliveira, Dr. José Luis Camargo Zambom pelas contribuições dadas ao longo do curso para o desenvolvimento deste trabalho.

Ao Pós Doutorando da Universidade Federal de Viçosa e amigo Dr. Bruno Portela Brasileiro e ao Pesquisador do Centro de Tecnologia Canavieira e amigo Dr. Volmir Kist, pela ajuda na elaboração deste trabalho.

Aos técnicos e auxiliares do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa (PMGCA/UFV/RIDESA), pelo apoio, na pessoa do amigo Geraldo Viçoso Filho.

Aos colegas do (PMGCA/UFAL/RIDESA), na pessoa do amigo Roberto Santiago.

As usinas e destilarias do Estado de Minas Gerais conveniadas ao PMGCA-UFV.

As usinas e destilarias do Estado do Paraná conveniadas ao PMGCA-UFPR.

Aos técnicos do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR/RIDESA), pelo apoio na implantação e tomada de dados do experimento, além da amizade e consideração.

A todos os professores da Pós-Graduação que contribuíram com a minha qualificação profissional, aos amigos do curso pelo companheirismo durante as atividades acadêmicas que muito valorizaram o aprendizado.

A Fundação Arthur Bernardes (FUNARBE), que através da competência do seu quadro de funcionários sempre atendeu as minhas solicitações com eficiência e agilidade permitindo a continuidade das atividades necessárias para o bom desenvolvimento das pesquisas.

Em especial aos amigos Dr. Geraldo Veríssimo Barbosa, Dr. Antônio Marcos Iaia, Dr. Luiz José Tavares de Melo e ao MSc. Antônio Ribeiro, pelas boas discussões e convivência durante este caminhar.

BIOGRAFIA DO AUTOR

Luís Cláudio Inácio da Silveira nasceu em Rio Pomba, estado de Minas Gerais, em 29 de dezembro de 1962. Filho de Araci Texeira da Silveira e Luiz Inácio da Silveira, é casado com Ângela Maria Coutinho da Silveira desde 14 de abril de 1984. Dessa união, nasceram Diego e Marcelo.

Cursou o primário na Escola Estadual Senador Antônio Martins entre 1970 e 1973, o ginásio, na Escola Professor Raimundo Martiniano Ferreira (Polivalente) entre 1974 e 1977. Em 1978, ingressou no Curso de Técnico em Agropecuária na Escola Agrotécnica Federal de Rio Pomba, o qual concluiu em 1980. Neste período, iniciou um estágio supervisionado no IAA PLANALSUCAR (Programa Nacional de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar), sendo mais tarde, em 1 de julho de 1981, contratado para trabalhar no Programa. Com a extinção do IAA em dezembro de 1990, foi incorporado ao quadro funcional da Universidade Federal de Viçosa, lotado no Departamento de Fitotecnia, continuando os trabalhos com a cultura da cana-de-açúcar, pelo PMGCA-UFV-RIDESA.

Cursou Ciências Contábeis entre 1986 a 1989 pela FACCIO (Faculdade de Ciências Contábeis de Ponte Nova – MG), obtendo o título de Bacharel em Ciências Contábeis. Possui Especialização em Administração Rural pela Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Economia Rural, Lato Sensus (1991).

Dentro do Programa de Melhoramento, na transição entre Planalsucar e Universidades, foi o responsável pela condução e seleção da variedade RB867515, atualmente essa variedade representa cerca de 27% da área cultivada com cana-de-açúcar no Brasil.

Em março de 1996, iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em maio de 2002.

Em julho de 2010, iniciou o mestrado no programa de Pós-graduação da Universidade Federal do Paraná, no curso de Produção Vegetal, defendendo a Dissertação em 28 de julho de 2011.

Em agosto de 2011, iniciou o curso de doutorado em Agronomia, na área de concentração em Produção Vegetal, no Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo no Programa de Pós-graduação da Universidade Federal do Paraná (UFPR), com a conclusão e defesa da Tese em 8 de Dezembro de 2014.

RESUMO

A busca por fontes alternativas de energia limpa tem sido uma constante nos últimos anos. Dentre essas fontes, a utilização de materiais lignocelulósicos para a geração de etanol de segunda geração e combustão para co-geração de energia elétrica apareceu como uma das soluções mais promissoras. A cana-de-açúcar é uma das culturas agrícolas mais eficientes na conversão de energia solar em energia química e os melhoristas, desde o princípio, vêm explorando a ampla variabilidade genética presente no complexo *Saccharum*. Os tradicionais programas de melhoramento genético têm voltado suas atenções majoritariamente ao desenvolvimento de cultivares para a maior produção de açúcar e etanol. No entanto, recentemente, diversos estudos vêm sendo desenvolvidos, visando avaliar o seu desempenho e otimizar o seu potencial energético a partir de cultivares com maior teor de fibra e elevada produção de biomassa. Com a nova demanda energética, a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) iniciou um programa de seleção de cultivares cana energia e vem realizando hibridações envolvendo acessos de *Saccharum spontaneum*, *Saccharum robustum* e as variedades cultivadas atualmente (*Saccharum* spp.). Visando contribuir com a nova linha de pesquisa da RIDESA, o objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética entre 50 genitores potenciais para obtenção de cana energia, selecionar os melhores cruzamentos (famílias) e os clones promissores presentes na população segregante, além de definir as estratégias a serem adotadas na avaliação e seleção das famílias. A caracterização dos 50 genótipos ocorreu no Banco Ativo de Germoplasma de Cana-de-açúcar, localizado na Serra do Ouro, município de Murici, AL e pertencente a Universidade Federal de Alagoas. A análise de diversidade e o coeficiente de parentesco entre os genótipos permitiu a identificação de dois grupos heteróticos (G1 e G2) com genitores potenciais para obtenção de cultivares cana energia. O grupo G1 foi formado por 13 genótipos que apresentam elevado teor de fibra, baixo teor de sacarose e descendem de *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum*. No grupo G2 a maioria dos 37 genótipos são cultivares modernas (*Saccharum* spp.) desenvolvidas pela RIDESA. Após a realização de hibridações envolvendo esses genótipos, foram obtidas 50 famílias de irmãos completos. Essas famílias foram avaliadas na Estação de Pesquisa da Universidade Federal do Paraná, localizada no município de Paranaíba, PR. Após a coleta de dados dos caracteres de produção: tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de fibra por hectare (TFH), tonelada de lignina por hectare (TLH) e tonelada de sacarose por hectare (TSH), além dos componentes da produção: número médio de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), diâmetro de colmo (DC), altura de colmo (AC), teor de fibra (FIB), pol percento cana ou teor de sacarose aparente (PC) e teor de lignina (LIG), foi possível identificar via análise de trilha, que a seleção das famílias de cana energia deve ser realizada com base TCH, que pode ser estimado via NC e PMC, pois esses dois componentes de produção são os principais responsáveis pela determinação da TCH, TFH e TLH. Após a avaliação e ordenamento das famílias para TCH, TFH e TSH, foram selecionados as 22 famílias com as maiores médias genotípicas para esses caracteres. Nessas famílias foram selecionados 199 clones, muitos deles com elevado teor de fibra (>16%) associado a um bom teor de sacarose (>12%), além de clones com teor de fibra próximo de 20% e baixo teor de sacarose, assim como clones que apresentam os mesmos teores de fibra (12%) e sacarose (13%) das cultivares atuais. Também foi possível identificar os genitores de maior destaque do grupo G1, sendo eles: KRAKATAU, IM76-228, IM76-229 e US85-1008, assim como os melhores genitores do grupo G2: RB867515 e RB93509. A seleção desses genitores é recomendada com base na avaliação do desempenho de suas progênes. No entanto, recomenda-se a introdução de novos acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum*, de

forma a ampliar a variabilidade genética presente no grupo G1 e também fazer uso de outras cultivares e clones modernos desenvolvidos pela RIDESA e que não foram avaliados nesse trabalho. Para o sucesso na obtenção de cultivares cana energia é necessário realizar o melhoramento das populações heteróticas (G1 e G2) a partir de hibridações entre os melhores genitores dentro de cada grupo, assim como realizar cruzamentos interpopulacionais visando explorar os desvios de dominância. Portanto, o uso da seleção recorrente recíproca (SRR) e/ou da seleção recorrente recíproca individual com famílias endogâmicas (SRRI-S1) na condução do programa de melhoramento genético da cana energia irá alavancar os ganhos genéticos por ciclo de recombinação.

Palavras-chave: *Saccharum*, Bioenergia, Melhoramento genético, Cana energia

ABSTRACT

The search for alternative sources of clean energy has been constant in recent years in Brazil and worldwide. Among these sources, the use of lignocellulosic materials for the generation of second-generation ethanol and co-combustion for electricity generation appear as one of the most promising solutions. The sugarcane is one of the most efficient crops in converting solar energy into chemical energy and breeders, from the beginning, have been exploring the wide genetic variability present in the *Saccharum* complex. Traditional breeding programs have focused their attention mainly to the development of cultivars for increased production of sugar and ethanol. However, recently, several studies have been conducted with cane sugar, to evaluate its performance and optimize its energy potential from cultivars with higher fiber content and high biomass production. With the new energy demand, the Interuniversity Network for the Development of Sugarcane Industry (RIDESA) initiated a program of energy sugarcane cultivar selection and has been performing hybridization with bouts of *Saccharum spontaneum*, *Saccharum robustum* and currently cultivated varieties (*Saccharum* spp.). Aiming to contribute to the new line of research RIDESA, the aim of this study was to evaluate the genetic diversity among 50 potential parents for obtaining energy cane, selecting the best families and promising clones present in segregating population, and defines the strategies to be adopted in the evaluation and selection of families. Evaluation of 50 genotypes present in the Active Germplasm Bank of Sugarcane, located in the Serra do Ouro, municipality of Murici, AL and owned by Federal University of Alagoas, allowed the identification of two heterotic groups (G1 and G2) with potential parents for obtaining energy cane cultivars. The G1 group consisted of 13 genotypes that have high fiber, low sucrose content and descended from *Saccharum spontaneum* and *Saccharum robustum*. G2 most 37 genotypes are modern cultivars (*Saccharum* spp.) Developed by RIDESA. After performing hybridization with these genotypes, 50 full-sib families were obtained. These families were evaluated at the Federal University of Paraná Research Station, located in the municipality of Paranavaí, PR. After collecting data for yield: ton of cane per hectare (TCH), tons of fiber per acre (TFH), lignin ton per hectare (TLH) and tons of sucrose per hectare (TSH), in addition to the components of the production: average number of culms (NC), stem diameter (DC), stem height (AC), fiber content (FIB), sucrose content (PC) and lignin content (LIG), was identified via analysis track, the selection of families cane energy should be made based on the character ton of cane per hectare (TCH), which can be estimated via average number of stems (NC) and mean weight of stem (PMC), because these two components of production are primarily responsible for determining the productivity of sugarcane (TCH), fiber (TFH) and lignin (TLH). After the evaluation and ranking of families for the following characters of production: TCH, TFH and TSH and 22 families were selected the highest genotypic averages for these characters. 199 clones in these families, many with high fiber content (> 16%) associated with a good sucrose content (> 12%), clones with fiber content around 20% and low sucrose content were selected as clones Where the same fiber content (12%) and sucrose (13%) of current cultivars. It was also possible to identify the most outstanding parents of G1, namely: KRAKATAU, IM76-228, IM76-229 US85-1008 and, like the best parents in G2: RB867515 and RB93509. The selection of these parents is recommended based on the evaluation of the performance of their progeny. However, the introduction of new accesses and *S. spontaneum* and *S. robustum*, in order to amplify the genetic variability present in G1 and also make use of other modern and cultivars developed by RIDESA clones that were not evaluated, it is recommended that work. For success in obtaining energy cane cultivars should seek to achieve the improvement of heterotic populations (G1 and G2) from crosses between

the best parents within each group, as well as performing interpopulation crosses for exploring the dominance deviations. Therefore, the use of reciprocal recurrent selection (RRS) and / or the individual reciprocal recurrent selection with inbred families (SRRI-S1) in conducting the energy sugarcane breeding program can leverage the genetic gain per cycle of recombination.

Keywords: *Saccharum*, Bioenergy, Crop breeding, Energy cane

SUMÁRIO

RESUMO	7
ABSTRACT	9
LISTA DE TABELAS.....	11
LISTA DE FIGURAS	15
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	17
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	20
2.1 PANORAMA ENERGÉTICO BRASILEIRO	20
2.2 BIOMASSA COMO FONTE DE ENERGIA	20
2.3 POTENCIAL DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA.....	21
2.4 O MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA	22
REFERÊNCIAS	23
CAPÍTULO I.....	28
DIVERSIDADE GENÉTICA E COEFICIENTE DE PARENTESCO ENTRE GENITORES POTENCIAIS PARA OBTENÇÃO DE CULTIVARES CANA ENERGIA.....	28
RESUMO	28
ABSTRACT	29
1 INTRODUÇÃO	30
2 MATERIAL E MÉTODOS	31
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
4 CONCLUSÃO	41
REFERÊNCIAS	42
CAPÍTULO II.....	45
ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE CANA ENERGIA COM BASE EM CARACTERES DE PRODUÇÃO E QUALIDADE DE BIOMASSA	45
RESUMO	45
ABSTRACT	46

1 INTRODUÇÃO	47
2 MATERIAL E MÉTODOS	49
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	51
4 CONCLUSÃO	61
REFERÊNCIAS	62
CAPÍTULO III	65
SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR PARA OBTENÇÃO DE CULTIVARES CANA ENERGIA	65
RESUMO	65
ABSTRACT	66
1 INTRODUÇÃO	67
2 MATERIAL E MÉTODOS	68
2.1 AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS	68
2.2 SELEÇÃO E AVALIAÇÃO DE CLONES	69
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	69
4 CONCLUSÃO	79
REFERÊNCIAS	80
CONSIDERAÇÕES FINAIS	82

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

TABELA 1 – Identificação e origem dos 50 genótipos avaliados no Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA/UFAL, Brasil. **31**

TABELA 2 – Descritores usados na caracterização dos genótipos do Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA/UFAL, Brasil. **33**

TABELA 3 – Grupos e médias fenotípicas dos 50 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA/UFAL, Brasil. **35**

TABELA 4 – Média, desvio-padrão (DP), valores máximos e mínimos dos caracteres quantitativos nos dois grupos (G1 e G2) e o coeficiente de correlação dos caracteres com a primeira variável canônica (CAN1). **37**

TABELA 5 – Número de genótipos em cada uma das categorias dos caracteres morfológicos nos dois grupos (G1 e G2) formados de acordo com a estratégia Ward-MLM. **38**

CAPÍTULO II

TABELA 1 – Médias genotípicas e análise descritiva dos caracteres avaliados em 50 famílias de cana energia, Paranavaí, PR, Brasil, 2013. **51**

TABELA 2 – Matriz de correlação genética entre os caracteres avaliados nas 50 famílias de cana energia, Paranavaí, PR, Brasil, 2013. **53**

TABELA 3 – Efeitos diretos e indiretos obtidos via análise de trilha a partir da correlação genética (r_g) dos componentes de produção diâmetro médio de colmo (DC), número médio de colmo (NC), altura média de colmo (AC) e peso médio de colmo (PMC) sobre tonelada de cana por hectare (TCH). **54**

TABELA 4 – Efeitos diretos e indiretos obtidos via análise de trilha a partir da correlação genética (r_g) dos componentes de produção diâmetro médio de colmo (DC), número médio de colmo (NC), altura média de colmo (AC), teor de fibra (FIB) e peso médio de colmo (PMC) sobre tonelada de fibra por hectare (TFH). **55**

TABELA 5 – Efeitos diretos e indiretos obtidos via análise de trilha a partir da correlação genética (r_g) dos componentes de produção diâmetro médio de colmo (DC), número médio de colmo (NC), altura média de colmo (AC), teor de fibra (FIB), teor de lignina (LIG) e peso médio de colmo (PMC) sobre tonelada de lignina por hectare (TLH). **56**

CAPÍTULO III

TABELA 1 – Parâmetros genéticos e ambientais estimados em 50 famílias de irmãos completos (FIC) de cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR). **70**

TABELA 2 – Médias genotípicas dos caracteres pol percento cana (PC), teor de fibra (FIB), tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de fibra por hectare (TFH), tonelada de sacarose por hectare (TSH) e número de genótipos selecionados (n_k) nas 22 melhores famílias. **71**

TABELA 3 – Médias do teor de fibra (FIB), pol percento cana (PC), pureza (PUR) e açúcar total recuperável (ATR) e a origem (família) de 35 clones promissores. **75**

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

FIGURA 1 – Distribuição das duas primeiras variáveis canônicas (CAN1 e CAN2) demonstrando a formação de 2 grupos (G1 e G2) pelo procedimento Ward-MLM. **34**

FIGURA 2 – Dendrograma gerado via método UPGMA a partir do inverso da matriz de parentesco $(1 - (2 \times r_{xy}))$ entre 50 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma da UFAL/RIDESA (coeficiente de correlação cofenética = 0,88). **39**

FIGURA 3 – Plotagem da correlação entre o coeficiente de parentesco $(2 \times r_{xy})$ e a similaridade genética (1- distância de Gower) entre 1.225 pares de genótipos de cana-de-açúcar. **40**

CAPÍTULO II

FIGURA 1 – Diagramas causais ilustrando os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas sobre as variáveis principais: a) tonelada de cana por hectare (TCH), b) tonelada de fibra por hectare (TFH) e c) tonelada de lignina por hectare (TLH). As setas em dupla direção indicam a associação mútua entre variáveis, determinada pelo coeficiente de correlação (r_{x_i, x_j}) e as setas em única direção representam o efeito direto, determinado pelo coeficiente de trilha (\hat{p}_{x_i}) . NC = número médio de colmo, DC = diâmetro médio de colmo, AC = altura média de colmo, PMC = peso médio de colmo, FIB = teor de fibra e LIG = teor de lignina. **51**

FIGURA 2 – Plotagem das médias genotípicas de 50 famílias para tonelada de cana por hectare real (TCH) em razão da tonelada de cana por hectare estimada (TCHe). R^2 = coeficiente de determinação, r = correlação entre TCH e TCHe. **59**

FIGURA 3 – Médias da população selecionada para produção de fibra em função do número de famílias selecionadas e da característica (TFH, TLH, TCH e TCHe) usada na tomada de decisão. TFH = tonelada de fibra por hectare e TLH = tonelada de lignina por hectare, TCH = tonelada de cana por hectare real e TCHe = tonelada de cana por hectare estimada. **60**

CAPÍTULO III

FIGURA 1 – Isoquantas da tonelada de fibra por hectare (TFH) obtido com as médias genotípicas do teor de fibra (FIB) e da tonelada de cana por hectare (TCH) das 50 famílias de cana energia. **72**

FIGURA 2 – Isoquantas da tonelada de sacarose por hectare (TSH) obtido com as médias genotípicas do pol percento cana (PC) e da tonelada de cana por hectare (TCH) das 50 famílias de cana energia. **74**

FIGURA 3 – Dispersão dos clones selecionados nas 22 melhores famílias a partir dos caracteres pol percento cana (PC) e teor de fibra (FIB). **76**

1 INTRODUÇÃO GERAL

A procura por novas fontes de energia limpa e renováveis tem sido uma constante no Brasil e no mundo. A crise ocorrida no Brasil, em 2001, apontou o desequilíbrio entre oferta e demanda de energia, forçando o país a buscar novos investimentos e oportunidades para atender o setor energético. Neste sentido, estudos relacionados ao uso da biomassa para a geração de energia elétrica tem se intensificado nos últimos anos.

A biomassa tem sido apontada como uma das principais alternativas para a diversificação da matriz energética e na diminuição do uso de combustíveis fósseis. Essa fonte energética tem despertado interesse, principalmente, em função do elevado potencial de crescimento da demanda por energia nos próximos anos (MME, 2009).

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma das culturas agrícolas mais eficientes na conversão de energia solar em energia química (Tew e Cobill, 2008). No Brasil, é uma das principais opções para a produção de biomassa, sendo competitiva economicamente em relação a outras fontes como capim napier, capim elefante, eucalipto, entre outras. Isto se deve em função da técnica de cultivo já ser dominada, o parque industrial já estar montado e funcionando, além do considerável número de usinas distribuídas pelas diversas regiões do país.

Muitas das usinas e destilarias em atividade estão produzindo energia elétrica a partir dos resíduos (palha, ponteira e bagaço) (Dias et al., 2009). Vale destacar que a área de cultivo da cana-de-açúcar no Brasil já ultrapassa 8,5 milhões de hectares, com produção de 588 milhões de toneladas de cana-de-açúcar na última safra (2013/2014) (CONAB, 2014).

Em um cenário mais otimista, com a possibilidade de gerar 120 quilowatts-hora (KWh) por tonelada de cana moída, a quantidade de cana processada na última safra seria suficiente para produzir mais de 70 milhões de megawatts-hora (MWh). Nesse mesmo período, a maior hidrelétrica do Brasil e do Mundo (Itaipu) gerou 98 milhões de MWh, quantidade suficiente para suprir o consumo brasileiro de energia durante 79 dias (ITAIPU, 2014).

O bagaço tradicionalmente usado pelas usinas apenas para a cogeração de energia elétrica, também tem adquirido importância na produção de etanol de segunda geração (Rabelo et al., 2011; Hofsetz e Silva, 2012). Em 2014, duas usinas de etanol de segunda geração começaram as suas atividades no país, sendo uma no Estado de Alagoas e outra no Estado de São Paulo. Portanto, o sucesso das suas operações podem alterar drasticamente o

processo de obtenção do açúcar e etanol, acelerando ainda mais a demanda por novas cultivares de cana-de-açúcar.

Para a produção de etanol celulósico é desejável cultivares com elevada produção de biomassa, porém com baixo teor de lignina e elevados teores de celulose e hemicelulose na fibra (Tew e Cobill, 2008). Entretanto, cultivares com maior teor de lignina são preferíveis caso o objetivo seja a produção de pellets e briquetes para queima em siderúrgicas, por ser a lignina o componente da fibra com maior poder calorífico (Loureiro et al., 2011).

A avaliação do teor de lignina presente na fibra requer maior tempo e custo, sendo muitas vezes inviável realizar tais avaliações na fase inicial dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, tendo em vista o grande número de famílias e genótipos levados a campo anualmente após as hibridações.

Portanto, visando facilitar a seleção de indivíduos com maior produtividade e qualidade da biomassa, torna-se essencial compreender a associabilidade entre os caracteres componentes da produção, como: peso médio de colmo, número médio de colmo, diâmetro médio de colmo e altura média de colmo, além dos componentes de qualidade, como os teores de fibra e sacarose.

Os melhoristas, desde o princípio, vêm explorando exaustivamente o elevado potencial de rendimento de sacarose na cana-de-açúcar (Dal-Bianco et al., 2012), sendo que as cultivares comerciais desenvolvidas pelos programas tradicionais de melhoramento genético, foram selecionadas para um maior teor de sacarose em detrimento da produção de fibra. Com a constatação da viabilidade do uso da palha, principalmente devido ao elevado rendimento e o baixo custo de produção (Cardona et al., 2010; Dias et al., 2013), ocorreu um aumento na procura por biomassa para produção de energia elétrica. Além disso, com a perspectiva no uso dessa biomassa na produção de etanol celulósico, bio-óleo via pirólise da biomassa, bioplásticos, entre outros usos diversos, uma nova linha de pesquisa vem sendo iniciada por diferentes programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil e em outros países, visando aumentar o teor de fibra e a produção de biomassa das futuras cultivares (Matsuoka et al., 2014).

Para incrementar o teor de fibra das futuras cultivares, pode-se recorrer a hibridações envolvendo acessos de *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum* com as variedades modernas de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) (Ming et al., 2006). Isso porque as espécies *S. spontaneum* e *S. robustum* apresentam elevados teores de fibra se comparadas com as cultivares modernas (*Saccharum* spp.). Os descendentes dos cruzamentos envolvendo

genitores dessas espécies possuem como principais características a elevada resistência a pragas e doenças, alto vigor, elevado teor de fibra, além da grande capacidade de perfilhamento e produção de biomassa (Cai et al., 2005).

A caracterização adequada dos acessos existentes nos bancos de germoplasma torna-se essencial para a seleção de genitores potenciais a serem usados em cruzamentos para geração de cultivares (Barbosa et al., 2012; Santos et al., 2012). Nesse sentido, estudos de divergência genética, assim como as informações sobre os pedigrees são de extrema importância para a definição das melhores combinações de cruzamento entre os genitores (Paternelli et al., 2009; Brasileiro et al., 2014). Com base nos pedigrees podem ser geradas informações úteis a serem utilizadas para impedir o cruzamento de genótipos aparentados, evitando os efeitos da depressão endogâmica (Hallauer et al., 2010).

Após as hibridações envolvendo genitores para a obtenção da cana energia, se faz necessária a avaliação das famílias e em seguida realizar a seleção individual dentro das melhores famílias, pois a seleção praticada dentro das famílias com valores genotípicos elevados aumenta a probabilidade de encontrar clones superiores nas progênies (Barbosa et al., 2005). Com base nesta premissa é que vários programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar têm praticado rotineiramente a seleção de famílias antes da obtenção dos clones (Kimbeng e Cox, 2003; Stringer et al., 2011; Barbosa et al., 2012).

Recentemente, a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), iniciou um programa de hibridação envolvendo acessos de *S. spontaneum*, *S. robustum*, cultivares República Brasil (RB) e cultivares de outros programas de melhoramento, visando o desenvolvimento de clones que apresentam teor de fibra acima de 17% e com os 13% de sacarose das cultivares atualmente disponíveis para o cultivo comercial.

Como forma de contribuir para o novo programa de hibridação e obtenção de cultivares cana energia, o objetivo desse trabalho é avaliar a diversidade genética entre genitores potenciais, identificar os melhores genitores para os futuros cruzamentos, selecionar as melhores famílias e os clones promissores presentes na população segregante, além de definir as melhores estratégias a serem adotadas na avaliação e seleção de famílias cana energia.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 PANORAMA ENERGÉTICO BRASILEIRO

A demanda mundial por energia tem como principal componente na matriz, os combustíveis fósseis, sendo os mesmos responsáveis por 79% da energia primária consumida, enquanto as fontes de energias renováveis (biomassa, solar, eólica e geotérmica) representam 12% e a hidroeletricidade apenas 2,1% (IEA, 2012).

O Brasil possui a matriz energética mais renovável do mundo industrializado, com 45,3% de sua produção proveniente de fontes como recursos hídricos, biomassa e etanol, além da energia eólica e solar. As usinas hidrelétricas são responsáveis pela geração de mais de 75% da eletricidade do país (MME, 2009). A matriz energética mundial é composta por 13% de fontes renováveis no caso dos países industrializados e reduz para 6% entre a maioria dos países em desenvolvimento.

No Brasil, atualmente a maior parte da energia elétrica gerada provem de hidrelétricas, as quais normalmente têm seu volume de água reduzido nos períodos de seca, justamente no momento em que se inicia a colheita da cana-de-açúcar. Ao intercalar essas duas fontes de energia será possível reduzir os riscos relacionados à falta de energia elétrica ao longo do ano (UNICA, 2013).

2.2 BIOMASSA COMO FONTE DE ENERGIA

Toda matéria orgânica que possa ser transformada em energia mecânica, térmica ou elétrica é classificada como biomassa, podendo ser de origem florestal (madeira), agrícola (soja, arroz, sorgo, cana-de-açúcar, capim napier, entre outras), rejeitos urbanos e industriais (sólidos ou líquidos) (ANEEL, 2012).

A co-geração de energia utilizando o bagaço derivado da fabricação de etanol e açúcar é da ordem de 1650 MW, o que representa 2% da demanda nacional. O aproveitamento do potencial energético do bagaço esta longe do ideal. Atualmente, utiliza-se somente parte da produção e ainda ocorrem perdas de energia devido ao uso de tecnologias ultrapassadas utilizadas pelas unidades do setor sucroenergético em suas termoelétricas (ANEEL, 2012).

As projeções mais otimistas para o ano de 2015, são de 47 bilhões de litros de etanol produzido e a geração de 11.500 MW de eletricidade, o que seria equivalente a 15% da matriz energética brasileira atual (Carvalho-Netto et al., 2014).

Aproximadamente 15% do peso de cada colmo adulto da cana-de-açúcar é composto por palha, folhas e ponteiros e 40% desse resíduo não é usado na co-geração de energia. A coleta desses resíduos que ficam no campo após a colheita podem ser direcionados para a combustão e conversão de energia elétrica ou na conversão em bioetanol, fazendo uso da tecnologia de digestão da celulose ou bio-óleo via pirólise da biomassa (Carvalho-Netto et al., 2014).

No ano de 2014 duas usinas foram inauguradas com o propósito de produzir o etanol a partir dos resíduos da cana-de-açúcar. Os investimentos na tecnologia para tornar viável a produção do etanol celulósico tem sido substancial em país como os Estados Unidos da América, Canadá, Brasil e em alguns países da União Européia (Sticklen, 2008; Amarasekara, 2014).

2.3 POTENCIAL DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA

O setor sucroenergético detém a maior capacidade de geração de energia elétrica, pois ao aproveitar o bagaço, a palha e as ponteiros como combustível para as centrais térmicas, acaba representando 70% da produção nacional de biomassa. Além disso, a cana-de-açúcar é a principal matéria-prima para a produção de biocombustíveis. A produção de biomassa gerada a partir da cana-de-açúcar por unidade de área (39 t ha^{-1} , colmo, folhas e ponteiros) é significativamente maior do que a de milho ($17,6 \text{ t ha}^{-1}$, grãos e palha) e de *Miscanthus* ($29,6 \text{ t ha}^{-1}$; biomassa) (Heaton et al., 2008; Waclawovsky et al., 2010).

O bagaço é um dos resíduos do processo de moagem da cana-de-açúcar para extração do caldo usado na produção de açúcar e/ou etanol. A cada tonelada de cana moída, sobram em média 240 Kg de bagaço (Ensinas et al., 2007), que sendo aproveitados permite gerar 120 KW/h de energia elétrica que pode ser comercializado pelas usinas.

O Potencial de energia produzida pelo bagaço de cana-de-açúcar pode triplicar nos próximos dez anos com os novos processos que estão em desenvolvimento, visto que, se todas as usinas estivessem produzindo eletricidade, com a tecnologia mais avançada disponível, o potencial para 2015 serão similares à capacidade da usina de Itaipu (ITAIPU, 2014).

2.4 O MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA

Nos programas brasileiros de melhoramento genético da cana-de-açúcar, a ênfase tem sido dada para obtenção de cultivares para produção de açúcar e etanol. Nesse caso, as cultivares comerciais e clones em avaliação possuem uma maior contribuição no genoma da espécie *Saccharum officinarum* com menor presença de genes das espécies *S. spontaneum* e *S. robustum*.

Programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar conduzidos na Austrália (Berding e Roach, 1987), Barbados (Walker, 1972), Índia (Panje, 1972), Taiwan (Shang et al., 1969), Louisiana (Dunckelman e Breaux, 1972; Legendre e Burner, 1995), e no Havaí (Heinz, 1967) serviram como base para hibridações interespecíficas envolvendo diferentes espécies do gênero *Saccharum*, visando a intogressão de genes para maior tolerância aos principais estresses bióticos e abióticos da cultura (Berding e Roach, 1987), tendo como resultado a geração de híbridos com maior produção de cana e açúcar.

As futuras cultivares de cana-de-açúcar devem contemplar maior teor lignocelulósico. Para que isto aconteça, novos acessos devem ser introduzidos aos bancos de germoplasma e utilizados em hibridações com as cultivares e clones modernos (Legendre e Burner, 1995). Espera-se dessas hibridações, a geração de clones com elevada produtividade de biomassa e maior variabilidade para os teores lignocelulósicos.

O melhoramento genético da cana-de-açúcar para aumentar a eficiência energética e a adaptabilidade dos genótipos para uma ampla gama de ambientes é considerado por muitos geneticistas como sinônimo de “ampliação da base genética”, ou seja, a utilização de germoplasmas diversos, particularmente acessos de *Saccharum spontaneum*, *Saccharum robustum* e as cultivares modernas (*Saccharum* spp.) pode alavancar os ganhos genéticos e contribuir para o desenvolvimento de cultivares mais rústicas e que atendam as demandas atuais e futuras do setor sucroenergético (Ming et al., 2006; Matsuoka et al., 2014).

Buscando atender as novas demandas do setor sucroenergético, o foco na obtenção das futuras cultivares deve ser concentrado no aumento substancial do teor de fibra aliado a maior produtividade. As futuras cultivares passam a ser denominadas de cana energia e poderão ser compostas por mais de 30% de fibra (Tew e Cobill, 2008).

No Brasil, algumas empresas de melhoramento genético da cana-de-açúcar realizaram hibridações e seleção de clones cana energia. No programa de seleção da Canavialis foram

obtidos genótipos com elevado teor de fibra, variando entre 15 e 19%, mas com teores de sacarose reduzido, variando entre 5 e 9% (Matsuoka et al., 2012). O Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) também investiu no desenvolvimento de cultivares cana energia, chegando a registrar a primeira cultivar de cana energia do Brasil, denominada de CTCE7 (MAPA, 2013).

Na avaliação de 207 clones de cana energia com alto teor de fibra do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), Ogata (2013) detectou uma ampla variabilidade genética para os teores de celulose (26,5% a 54,2%), hemicelulose (16,7% a 26%) e lignina (17,7% a 27,1%) presente na fibra dos clones.

Recentemente, a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético iniciou um programa de seleção de clones cana energia. As primeiras populações segregantes estão sendo avaliadas e podem dar origem a futuras cultivares.

No programa de melhoramento da Louisiana State University (LSU) e o Houma-USA desenvolveram a cultivar US79-1002, que apresenta um teor de fibra de 28% e uma excepcional produtividade, com média de 211 t ha⁻¹ após 5 cortes (Giamalva et al., 1985; Bischoff et al., 2008).

No programa de melhoramento conduzido em Barbados, os melhoristas selecionaram clones com até 42% de fibra e com Brix% de 23,5 ao cruzar genitores oriundos do programa de seleção recorrente para aumento de sacarose com acessos de *S. spontaneum* (Kennedy, 2008).

Os resultados obtidos por diferentes programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar demonstram que a ampla variabilidade genética existente no complexo *Saccharum* pode ser explorada com diferentes finalidades, pois existem inúmeras possibilidades de novos rearranjos gênicos nessa cultura multiespecífica, o que permite modificar radicalmente as características agronômicas das futuras cultivares, podendo inclusive, ter consequências muito mais benéficas e com menores custos quando comparado com o uso da transformação genética.

REFERÊNCIAS

AIE, Agência Internacional de Energia, 2012. (www.iea.org). Acesso em agosto de 2013.

AMARASEKARA, A.S. **Handbook of cellulosic ethanol**. Scrivener Publishing, Texas, 2014.

ANEEL, Agência Nacional de Energia Elétrica, 2012. (www.aneel.gov.br). Acesso em agosto 2013.

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 Applied Biotechnology**, v.5, p.443-450, 2005.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Breeding and Cultivar Recommendations. In: Santos, F.; Borém, A. e Caldas, C. Editores. **Sugarcane: Bioenergy, Sugar and Ethanol - Technology and Prospects**. Viçosa, MG – Suprema, 2012, cap.11, p.313-332.

BERDING, N.; ROACH, B.T. Germplasm collection, maintenance, and use. In: HEINZ, D.J (ed.), **Sugarcane Improvement Through Breeding**. Elsevier, New York, 1987, p.143–210.

BISCHOFF, K.P.; GRAVOIS, K.A.; EAGAN, T.E.; HOY, J.W.; KIMBENG, C.A.; LABORDE, C.M.; HAWKINS, G.L. Registration of “L79-1002” sugarcane. **Journal Plant Registrations**, v.2, p.211–217, 2008.

BRASILEIRO, B.P. MARINHO, C.D.; COSTA, P.M.A.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Genetic diversity in sugarcane varieties in Brazil based on the Ward-Modified Location Model clustering strategy. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n.1, p. 1650-1660, 2014.

CAI, Q.; AITKEN, K.S.; DENG, H.H.; CHEN, X.W.; FU, C.; JACKSON, P.A.; MCINTYRE, C.L. Verification of the introgression of *Erianthus arundinaceus* germplasm into sugarcane using molecular markers. **Plant Breeding**, v.124, p 322-328, 2005.

CARDONA, C.A.; QUINTERO, J.A.; PAZ, I.C. Production of bioethanol from sugarcane bagasse: status and perspectives. **Bioresource Technology**, v.101, p.4754-4766, 2010.

CARVALHO-NETTO, O.V.; BRESSIANI, J.A.; SORIANO, H.L.; FIORI, C.S.; SANTOS, J.M.; BARBOSA, G.V.S.; XAVIER, M.A.; LANDELL, M.G.A.; PEREIRA, G.A.G. The potential of the energy cane as the main biomass crop for the cellulosic industry. **Chemical and Biological Technologies in Agriculture**, v.1, p.1-8, 2014.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Central de informações agropecuárias: safras – cana (2014)** (<http://www.conab.gov.br>). Acesso em dezembro de 2014.

DAL-BIANCO, M.; CARNEIRO, M.S.; HOTTA, C.T.; CHAPOLA, R.G.; HOFFMANN, H.P.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, G.M. Sugarcane improvement: how far can we go?. **Current Opinion in Biotechnology**, v.23, p.265-270, 2012.

DIAS, M.O.S.; JUNQUEIRA, T.L.; CAVALETT, O.; CUNHA, M.P.; JESUS, C.D.F.; MANTELATTO, P.E.; ROSSELL, C.E.V.; MACIEL FILHO, R.; BONOMI, A. Cogeneration in integrated first and second generation ethanol from sugarcane. **Chemical Engineering Research and Design**, v.91, p.1411-1417, 2013.

DUNCKELMAN, P.H.; BREAUX, R.D. Breeding sugarcane varieties for Louisiana with new germplasm. **Proceeding of Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists**, v.14, p.233-239, 1972.

ENSINAS, A.V.; NEBRA, S.A.; LOZANO, M.A.; SERRA, L.M. Analysis of process steam demand reduction and electricity generation in sugar and ethanol production from sugarcane. **Energy Conversion and Management**, v.48, p.2978-2987, 2007.

GIAMALVA, M.J.; CLARKE, S.J.; STEIN, J.M. Sugarcane hybrids of biomass. **Biomass**, v.6, p.61-68, 1984.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

HEATON, E.A.; DOHLEMAN, F.G.; LONG, S.P. Meeting US biofuel goals with less land: the potential of *Miscanthus*. **Global Change Biol**, v.14, p.2000–2014, 2008.

HEINZ, D.J. Wild *Saccharum* species for breeding in Hawaii. **Proceeding of Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists**, v.12, p.1037-1043, 1967.

HOFSETZ, K.; SILVA, M.A. Brazilian sugarcane bagasse: Energy and non-energy consumption. **Biomass and Bioenergy**, v.46, p.564-573, 2012.

ITAIPU, hidrelétrica binacional de Itaipu – Produção ano a ano (2014). (<http://www.itaipu.gov.br/energia/producao-ano-ano>). Acesso em fevereiro de 2014.

KENNEDY, A.J. Prospects for combining high sucrose content with increased fibre to generate multi-purpose cane varieties. **Proceedings 29th of the Conference of West Indies Sugar Technologists**, Jamaica, 2008. Disponível em: <http://www.jamaicasugar.org/wist/Proceedings/Prospects%20for%20combining%20high%20sucrose%20content.pdf>

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.

LEGENDRE, B.L.; BURNER, D.M. Biomass production of sugarcane cultivars and early generation hybrids. **Biomass and Bioenergy**, v.8, p.55-61, 1995.

LOUREIRO, M.E.; BARBOSA, M.H.P.; LOPES, F.J.F.; SILVÉRIO, F.O. Sugarcane Breeding and Selection for more Efficient Biomass Conversion in Cellulosic Ethanol. In: BUCKERIDGE, M.S.; GOLDMAN, G.H. **Routes to Cellulosic Ethanol**. New York, Springer, 2011, cap.13, p.199-239.

MAPA, Ministerio da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares**, 2013. (http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/detalhe_cultivar.php?codsr=30886). Acesso em agosto de 2013.

MATSUOKA, S.; BRESSIANI, J.; MACCHERONI W.; FOUTO, I. Sugarcane Bioenergy. In: Santos, F.; Borém, A. e Caldas, C. Editores. **Sugarcane: Bioenergy, Sugar and Ethanol - Technology and Prospects**. Viçosa, MG – Suprema, 2012, cap.18, p.471-500.

MATSUOKA, S.; KENNEDY, A.J.; SANTOS, E.G.D.; TOMAZELA, A.L.; RUBIO, L.C. Energy Cane: Its Concept, Development, Characteristics, and Prospects. **Advances in Botany**, v.2014, p.1-13, 2014.

MING, R.; MOORE, P.H.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C.; TEW, T.L.; MIRKOV, T.E.; DA SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHELL, R.J.; BRUMBLEY, S.M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J.C.; PATERSON, A.H. Sugarcane Improvement through Breeding and Biotechnology. *In*: JANICK, J. **Plant breeding reviews**. New York, John Wiley & Sons, 2006, cap.2, p.15-118.

MME, Ministério das Minas e Energia. **Balço Energético Nacional 2009 – Ano base 2008**: Resultados Preliminares. Empresa de Pesquisa Energética (EPE). Rio de Janeiro: MME/EPE, 2009.

OGATA, B.H. **Caracterização das frações celulose, hemicelulose e lignina de diferentes genótipos de cana-de-açúcar e potencial de uso em biorrefinarias**. Dissertação. Universidade de São Paulo, ESALQ, 2014.

PANGE, R.R. The role of *Saccharum spontaneum* in sugarcane breeding. **Proceeding of Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists**, v.14, p.217-223, 1972.

PETERNELLI, L.A. FERREIRA, F.M.; ROCHA, R.B.; BARROS, W.S.; BARBOSA, M.H.P.; Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R. **Bragantia**, v.68, n.4, p.849-855, 2009.

RABELO, S.C.; CARRERE, H.; MACIEL FILHO, R.; COSTA, A.C. Production of bioethanol, methane and heat from sugarcane bagasse in a biorefinery concept. **Bioresource Technology**, v.102, p.7887-7895, 2011.

SANTOS, J.M.; DUARTE FILHO, L.S.C.; SORIANO, M.L.; DA SILVA, P.P.; NASCIMENTO, V.X.; BARBOSA, G.V.S.; TODARO, A.R.; RAMALHO NETO, C.E.; ALMEIDA, C. Genetic diversity of the main progenitors of sugarcane from the RIDESA germplasm bank using SSR markers. **Industrial Crops Products**, v.40, p. 145-150, 2012.

SHANG, K.C.; JUANG, P.Y.; CHU, T.L.; HUANG, S.T. A study on the transmission of some important characteristics of Taiwan originated wild cane *Saccharum spontaneum* L. **Proceeding of Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists**, v.13, p.968-974, 1969.

STICKLEN, M.B. Plant genetic engineering for biofuel production towards affordable cellulosic ethanol, **Nature Review**, v.9, p.433-443, 2008.

STRINGER, J.K.; COX, M.C.; ATKIN, F.C.; WEI, X.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Sugar Tech**, v.13, p.36-41, 2011.

TEW, T.L.; COBILL, R.M. Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum* spp.) as an Energy Crop. *In*: VERMERRIS, W. **Genetic Improvement of Bioenergy Crops**. Springer, New York, 2008. cap. 9, p. 273-294.

UNICA, União das Indústrias de cana de açúcar. **Setor Sucroenergético - Mapa da Produção de etanol do Brasil**. 2013. (<http://www.unica.com.br>), Acesso em agosto 2014.

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

WALKER, D.I.T. Utilization of noble and *Saccharum spontaneum* germplasm in the West Indies. **Proceeding of Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists**, v.14, p.224-232, 1972.

CAPÍTULO I

DIVERSIDADE GENÉTICA E COEFICIENTE DE PARENTESCO ENTRE GENITORES POTENCIAIS PARA OBTENÇÃO DE CULTIVARES CANA ENERGIA

RESUMO

O objetivo dessa pesquisa foi avaliar a diversidade genética e a relação de parentesco entre 50 genótipos de cana-de-açúcar, além de identificar genitores potenciais para a obtenção de cultivares cana energia. A análise de diversidade foi realizada a partir da avaliação de caracteres morfológicos e agronômicos. O coeficiente de parentesco foi obtido a partir das informações de pedigree. De acordo com as análises realizadas os genótipos foram separados em dois grupos. O grupo G1 foi formado por 13 genótipos descendentes das espécies *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum*. Os outros 37 genótipos descendem de retrocruzamentos com *Saccharum officinarum* e foram alocados no grupo G2. Os genótipos apresentaram baixos valores de similaridade genética e de coeficiente de parentesco, indicando ampla variabilidade genética na população. A condução de cruzamentos envolvendo genótipos do grupo G1, principalmente aqueles com teor de fibra acima de 17% (IJ76-293, 57NG12, IN84-82, IN84-88, IM76-228 e UM69/001), com os genótipos do grupo G2, que apresentam elevada produtividade de colmos (RB92579, RB83102, RB047232, RB867515, RB971723, RB937570, RB011941, RB75126, MEX68-200, Co62175 e CP691052), devem ser explorados com a finalidade de desenvolver cultivares cana energia. As análises de diversidade e do coeficiente de parentesco permitiram a identificação de dois grupos heteróticos. Além disso, foi possível identificar nos dois grupos genitores potenciais para a obtenção de cultivares cana energia. A utilização das distâncias genéticas com base em dados morfo-agronômicos e do pedigree devem ser usadas de forma complementar, visando agregar maior conhecimento na escolha dos melhores genitores.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., Germoplasma, Biomassa, Melhoramento genético

GENETIC DIVERSITY AND COEFFICIENT OF PARENTAGE AMONG POTENTIAL PARENTS FOR OBTAINING ENERGY CANE CULTIVARS

ABSTRACT

The aim of this study was to evaluate the genetic diversity and coefficient of parentage between 50 sugarcane genotypes, in addition to identifying potential parents for obtaining energy cane cultivars. The diversity analysis was performed based on the evaluation of morphological and agronomic characters. The inbreeding coefficient was obtained from pedigree information. According to our analysis, the genotypes were separated into two groups. The G1 group consisted of 13 genotypes of *Saccharum spontaneum* and *Saccharum robustum*. The other 37 genotypes descended from backcrosses with *Saccharum officinarum* and were allocated in G2. The genotypes showed low levels of genetic similarity and coefficient of parentage, indicating wide genetic variability in the population. Driving from crosses involving genotypes G1, especially those with fiber content above 17 % (IJ76 -293, 57NG12, 82 - IN84, IN84 -88, IM76 - 228 and UM69/001), with genotypes G2 which have high stalk yield (RB92579, RB83102, RB047232, RB867515, RB971723, RB937570, RB011941, RB75126, MEX68 - 200, Co62175 and CP691052), should be explored in order to develop energy cane cultivars. The diversity analysis and the coefficient of parentage allowed the identification of two heterotic groups. The use of genetic distances based on morpho-agronomic data and pedigree should be used in a complementary way, in order to add more knowledge to choose the best parents.

Keywords: *Saccharum* spp., Germoplasm, Biomass, Crop breeding

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma das culturas agrícolas mais eficientes na conversão de energia solar em energia química (Tew e Cobill, 2008). Os melhoristas, desde o princípio, vêm explorando exaustivamente o elevado potencial de rendimento de sacarose nessa cultura por meio dos programas de melhoramento genético.

No Brasil, a sacarose obtida da cana-de-açúcar tem sido utilizada amplamente na produção de açúcar e etanol. Por sua vez, o bagaço tradicionalmente usado pelas usinas apenas para a cogeração de energia elétrica, tem adquirido importância na produção de etanol de segunda geração (Rabelo et al., 2011; Hofsetz e Silva, 2012). Recentemente, com a proibição do uso do fogo para efetuar a despalha anteriormente à colheita, outros resíduos da cana-de-açúcar como folhas e ponteiros (palha) também vem ganhando importância devido ao potencial de rendimento econômico (Seabra et al., 2010; Capaz et al., 2013).

Com a constatação da viabilidade do uso da palha na produção de etanol (etanol de segunda geração) e energia elétrica (combustão), principalmente em função do elevado rendimento de biomassa e do baixo custo de produção (Cardona et al., 2010; Dias et al., 2013), novas linhas de pesquisa visando o desenvolvimento de cultivares com maiores teores de fibra, denominadas cana energia começam a ser conduzidas por diferentes programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

Contudo, como as vias metabólicas para a síntese de sacarose e fibra são antagônicas (Ming et al., 2006), o desenvolvimento de cultivares cana energia deve envolver cruzamentos entre genótipos de *Saccharum spontaneum* e *Saccharum officinarum*. Isso porque a espécie *S. spontaneum* apresenta maiores teores de fibra se comparado com as demais espécies do gênero *Saccharum*. Entretanto, a sua produtividade de colmos é baixa (Tew e Cobill, 2008). Por outro lado, a espécie *S. officinarum* apresenta maior produtividade. Assim, uma combinação entre estas duas espécies parece ser ideal para o desenvolvimento de cultivares cana energia.

A caracterização adequada dos genótipos existentes nos bancos de germoplasma torna-se essencial para a seleção de genótipos com potencial para serem utilizados como genitores em cruzamentos para geração de cultivares cana energia (Barbosa et al., 2012; Santos et al., 2012).

Nesse sentido, estudos de divergência genética, assim como as informações sobre os pedigrees são de extrema importância para a definição das melhores combinações de

cruzamento entre os genitores (Peternelli et al., 2009). Com base nos pedigrees podem ser geradas informações úteis a serem utilizadas para impedir o cruzamento de genótipos aparentados, evitando os efeitos da depressão endogâmica (Hallauer et al., 2010).

O objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética e a relação de parentesco entre genótipos de cana-de-açúcar do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), visando a sua utilização no desenvolvimento de cultivares cana energia por meio da seleção recorrente recíproca (SRR).

2 MATERIAL E MÉTODOS

Neste estudo foram avaliados 50 genótipos de cana-de-açúcar, no estágio de cana soca, 10 meses após o primeiro corte (Tabela 1).

Os genótipos avaliados foram distribuídos em parcelas constituídas por 4 touceiras espaçadas em 2 m, no BAG da RIDESA, localizado na Serra do Ouro, Universidade Federal de Alagoas (UFAL), no município de Murici, AL, Brasil, com latitude 9°13' S; longitude 35°50' W; altitude 450 m (Barbosa et al., 2002).

Nos 50 genótipos, foram avaliados os seguintes caracteres morfológicos, em 5 colmos por parcela: índice de floração (IF); floração (FL); chochamento fisiológico (CF); tombamento por desenvolvimento (TD); despalha (DS); presença de raízes aérea (RA); rachadura (RC); brotação lateral (BL); presença de joçal (PJ); saliência da gema (GM); perfilhamento (PR) e hábito de crescimento (HC) (Tabela 2).

Os caracteres agronômicos avaliados a partir de 10 colmos por parcela foram: peso médio de colmo (PMC); peso da palha (PP); diâmetro médio de colmo (DC) e comprimento médio de colmo (CC); pureza do caldo (PUR); teor de fibra (FIB); conteúdo de sacarose na cana (PC); açúcares redutores (AR); açúcar total recuperável (ATR) e massa seca da cana (MS) (Tabela 2). As variáveis PUR, FIB, PC, AR, ATR e MS foram obtidas a partir das análises realizadas em duas amostras de 500g (cana picada), utilizando a metodologia de análise tecnológica PCTS (Fernandes, 2003). Por último, foi quantificado o teor de lignina da fibra (TL). Para tal, as amostras de matéria seca foram submetidas à análise NIR (Near Infrared Reflectance).

TABELA 1 – Identificação, pedigree e origem dos 50 genótipos avaliados no Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA/UFAL, Brasil.

Genótipo	Pedigree		Origem
	Genitor feminino	Genitor masculino	
57NG12	<i>S. robustum</i>	?	Índia
C90178	?	?	Cuba
IJ76-293	<i>S. robustum</i>	?	Java
IM76-228	<i>S. robustum</i>	?	Indonésia
IM76-229	<i>S. robustum</i>	?	Indonésia
IN84-58	<i>S. spontaneum</i>	?	Indonésia
IN84-82	<i>S. spontaneum</i>	?	Indonésia
IN84-88	<i>S. spontaneum</i>	?	Indonésia
KRAKATAU	<i>S. spontaneum</i>	?	Indonésia
UM69/001	<i>S. spontaneum</i>	?	Mauritius
US74-103	L65-69	SES205A	USA*
US76-14	NCo310	TAINAN	USA
US85-1008	<i>S. spontaneum</i>	US60-313	USA
B70710	28NG288	<i>S. spontaneum</i>	Barbados
B74125	B62118	?	Barbados
B76734	BTN143	SES567	Barbados
CB38-22	CP27-139	?	Campos Brasil, Brasil
Co285	STR.MAURITIUS	<i>S. spontaneum</i>	Índia
Co453	BLACK CHERIBON	Co285	Índia
Co617	POJ2878	Co285	Índia
Co62175	Co951	Co419	Índia
CP69-1052	CP62-374	CP56-59	Canal Point, USA
CTC5	SP82-1176	?	CTC, Brasil
CTC9	SP81-3491	?	CTC, Brasil
F150	NCo310	PT43-52	Formosa
IAC50/134	Co419	Co285	IAC, Brasil
IAC86-2210	CP52-58	Co798	IAC, Brasil
IAC87-3396	Co740	SP70-1143	IAC, Brasil
IANE48-21	POJ2878	Co285	IANE, Brasil
MEX68-200	B35187	Co617	México
RB011941	BJ7504	RB72454	RIDESA, Brasil
RB01623	RB835867	?	RIDESA, Brasil
RB01649	Co62175	RB72454	RIDESA, Brasil
RB0442	?	?	RIDESA, Brasil
RB047232	RB865520	SP91-1049	RIDESA, Brasil
RB04813	RB745464	RB92524	RIDESA, Brasil
RB04823	RB931013	RB72910	RIDESA, Brasil
RB72910	?	?	RIDESA, Brasil
RB75126	C278	?	RIDESA, Brasil
RB83102	NA56-79	SP70-1143	RIDESA, Brasil
RB867515	RB72454	?	RIDESA, Brasil
RB92579	RB75126	RB72199	RIDESA, Brasil
RB928064	SP70-1143	?	RIDESA, Brasil
RB93509	RB72454	?	RIDESA, Brasil
RB937570	SP70-1143	RB72454	RIDESA, Brasil
RB946022	RB855511	RB855077	RIDESA, Brasil
RB96524	RB75126	?	RIDESA, Brasil
RB971723	H64-1881	RB8491	RIDESA, Brasil
RB98710	SP81-3250	RB93509	RIDESA, Brasil
SP81-3250	CP70-1547	SP71-1279	Copersucar, Brasil

*USA = Estados Unidos da América; CTC = Centro de Tecnologia Canavieira; IAC = Instituto Agrônomo de Campinas; RIDESA = Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético; IANE = Instituto Agrônomo do Nordeste; Copersucar = Cooperativa de Produtores de Cana-de-Açúcar, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo.

A análise da diversidade genética foi realizada a partir do procedimento Ward Modified Location Model (Ward-MLM) (Franco et al., 1998), usando de forma conjunta as médias fenotípicas dos caracteres quantitativos e as modas das categorias dos caracteres qualitativos avaliados nos 50 genótipos de cana-de-açúcar. No procedimento Ward-MLM, a distância genética é estimada usando o algoritmo de Gower (Gower, 1971). Recentemente, a estratégia Ward-MLM vem sendo amplamente utilizada em estudos de diversidade genética em cana-de-açúcar (Brasileiro et al., 2014), mamoneira (Oliveira et al., 2013), pinhão manso (Brasileiro et al., 2013), banana (Pereira et al., 2012; Pestanana et al., 2011) e feijão (Cabral et al., 2010; Barbé et al., 2009).

TABELA 2 – Descritores usados na caracterização dos genótipos do Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA/UFAL, Brasil.

Caracteres ^a	Categorias	Caracteres	Descrição
IF	1 = Ausente, 2 = < 30%, 3 = 30 a 50%, 4 = > 50%	PMC	Peso médio de colmo (kg)
CF	1 = Ausente, 2 = Baixo, 3 = Médio, 4 = Elevado	PP	Peso da palha (kg)
TD	1 = Ausente, 2 = < 30° com a vertical, 3 = 30 a 60° com a vertical	DC	Diâmetro médio de colmo (cm)
DS	1 = Fácil, 2 = Regular, 3 = Difícil	CC	Comprimento médio de colmo (m)
RA	1 = Ausente, 2 = Pouco, 3 = Regular, 4 = Elevado	PUR	Pureza do caldo (%)
RC	1 = Ausente, 2 = < 20%, 3 = 20 a 40%, 4 = > 41%	FIB	Teor de fibra (%)
BL	1 = Ausente, 2 = < 20%, 3 = > 20%	PC	Conteúdo de sacarose na cana (%)
PJ	1 = Ausente, 2 = Pouco, 3 = Regular, 4 = Elevado	AR	Açúcares redutores (%)
GM	1 = 1 mm, 2 = 2 mm, 3 = 3 mm	ATR	Açúcar total recuperável (kg t ⁻¹)
PR	1 = Baixo, 2 = Médio, 3 = Elevado	MS	Massa seca da cana (%)
HC	1 = Ereto, 2 = Semi-decumbente, 3 = Decumbente	TL	Teor de lignina (%)
FL	1 = Ausente, 2 = Gema diferenciada, 3 = Fase cartucho, 4 = Panícula		

^a IF = índice de floração; FL = floração; CF = chochamento fisiológico; TD = tombamento por desenvolvimento; DS = Despalha; RA = presença de raízes aéreas; RC = rachadura; BL = brotação lateral; PJ = presença de joçal; GM = saliência da gema; PR = perfilhamento; HC = hábito de crescimento.

A análise do coeficiente de parentesco (COP) foi realizada considerando todas as gerações presentes no pedigree, o que correspondeu a 189 genitores conhecidos ao longo de 6 gerações. Na execução das análises foi usado o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2013), a partir das funções desenvolvidas por Peternelli *et al.* (2009) com base nas expressões apresentadas por Kempthorne (1973), em que o coeficiente de endogamia é dado

$$\text{por: } F_x = \frac{1}{2k-1} \left[kr_{(A,B)} + \frac{(k+1)}{2} (F_A + F_B) \right], \quad k = 4 \text{ para organismo octaplóide e o}$$

coeficiente de parentesco é: $r_{xx} = \frac{1}{2k} [1 + (2k - 1)F_x]$ e $r_{xy} = r_{(AB,Y)} \frac{1}{2} [r_{AY} + r_{BY}]$, em

que X é filho de A e B e Y é um indivíduo qualquer com pais desconhecidos.

Foi realizado o agrupamento dos 50 genótipos pelo método UPGMA (Sneath e Sokal, 1973) a partir do inverso da matriz de parentesco ($1 - (2 \times r_{xy})$). A validação do agrupamento foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC) (Sokal e Rohlf, 1962).

A correlação de Pearson entre a similaridade genética (SG) ($1 - \text{distância de Gower}$) e o coeficiente de parentesco (COP) foi obtida como forma de avaliar a associação entre as duas estratégias de estimação da variabilidade genética.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com a análise Ward-MLM os 50 genótipos foram separados em dois grupos (G1 e G2). A formação dos grupos pode ser observada na representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas (CAN1 e CAN2) que explicaram 100% da variação observada, permitindo a nítida compreensão da variabilidade genética entre os genótipos avaliados (Figura 1).

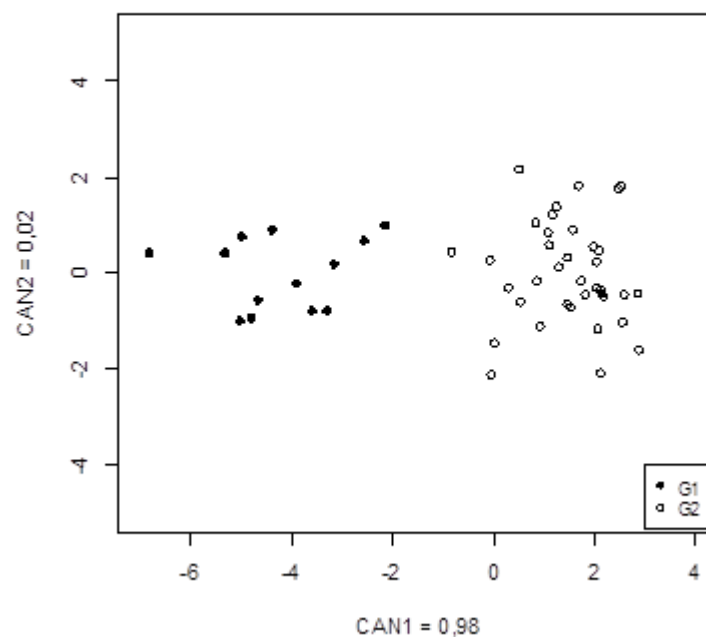


FIGURA 1 – Distribuição das duas primeiras variáveis canônicas (CAN1 e CAN2) demonstrando a formação de 2 grupos (G1 e G2) pelo procedimento Ward-MLM.

O grupo G1 foi formado por 13 genótipos, enquanto os outros 37 genótipos foram alocados no grupo G2 (Tabela 3).

TABELA 3 – Grupos e médias fenotípicas dos 50 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA/UFAL, Brasil.

Grupo	Genótipos	PMC ^a	PP	DC	CC	PUR	FIB	PC	AR	ATR	MS	TL
1	57NG12	0,11	0,10	0,90	1,05	48,60	19,20	2,89	1,50	40,21	60,70	27,05
1	IM76-228	0,28	0,30	1,60	1,77	66,10	19,00	4,30	1,00	49,42	37,90	25,82
1	IN84-82	0,19	0,10	1,30	2,44	64,70	18,50	5,31	1,10	59,77	41,30	26,97
1	IN84-88	0,18	0,10	1,10	1,68	80,60	18,50	7,98	0,80	81,48	37,00	26,05
1	UM69/001	0,28	0,20	1,60	1,34	67,10	17,70	6,02	1,10	66,08	51,50	26,13
1	IJ76-293	0,35	0,40	1,60	1,73	61,40	17,20	4,45	1,30	52,84	46,10	25,58
1	IN84-58	0,17	0,10	1,20	1,95	79,70	16,90	6,81	0,80	71,31	40,40	27,66
1	KRAKATAU	0,19	0,20	1,40	1,80	75,10	16,70	4,11	1,00	47,31	22,30	23,91
1	US76-14	0,20	0,10	1,10	1,23	85,60	15,40	9,39	0,70	94,17	46,70	24,27
1	IM76-229	0,23	0,10	1,50	1,37	66,80	15,10	4,36	1,10	50,96	48,90	25,55
1	US85-1008	0,12	0,10	1,20	1,15	72,00	14,90	6,03	1,00	65,70	26,10	25,40
1	US74-103	0,27	0,10	1,60	1,26	78,10	14,30	10,30	0,90	104,70	46,20	22,36
1	C90178	0,38	0,20	2,10	2,11	68,00	14,20	5,25	1,20	59,46	46,40	24,16
2	RB867515	1,40	0,40	2,90	2,57	82,70	15,70	12,40	0,80	123,00	57,10	24,41
2	RB04823	0,63	0,60	2,40	1,53	77,90	15,60	9,16	0,90	93,69	46,00	26,77
2	B74125	1,11	0,40	3,20	1,74	75,30	15,20	8,75	1,00	90,43	77,80	22,23
2	Co285	0,46	0,30	1,80	1,85	84,10	14,40	10,20	0,80	102,20	45,80	26,01
2	Co617	0,59	0,40	1,90	1,81	81,60	14,40	9,52	0,80	96,49	44,20	22,83
2	RB04813	0,84	0,20	2,50	1,74	78,30	14,40	10,20	0,90	103,20	63,70	23,38
2	IAC50/134	0,57	0,20	2,20	2,02	85,70	14,30	10,80	0,70	107,90	46,40	23,97
2	RB92579	1,10	0,40	2,70	2,14	86,40	14,30	13,00	0,70	127,70	52,20	24,14
2	RB946022	1,10	0,40	2,70	1,83	80,10	14,30	10,50	0,90	106,00	51,60	26,17
2	B70710	0,77	0,40	2,50	2,30	62,70	14,20	4,51	1,30	53,74	47,60	26,84
2	CTC9	0,66	0,40	2,60	2,23	83,90	14,00	10,60	0,80	106,20	45,40	23,10
2	IAC87-3396	0,98	0,30	2,90	2,25	82,00	13,90	10,90	0,80	109,10	47,00	26,19
2	Co453	0,65	0,30	2,40	1,74	83,40	13,80	9,90	0,80	99,76	47,60	25,80
2	RB83102	0,78	0,30	2,80	1,66	84,00	13,80	12,20	0,80	121,20	46,10	24,66
2	RB937570	1,16	0,50	3,00	1,86	92,10	13,80	11,70	0,60	114,70	54,10	24,61
2	CP69-1052	0,81	0,30	2,60	1,84	80,50	13,60	12,80	0,90	127,40	44,00	25,42
2	SP81-3250	1,19	0,40	2,60	2,34	71,90	13,30	9,54	1,10	98,93	45,60	25,78
2	RB75126	1,22	0,40	3,00	1,78	86,20	13,20	11,00	0,70	109,10	47,40	24,17
2	RB971723	1,37	0,50	2,80	2,37	82,30	13,20	11,50	0,80	115,20	54,00	24,02
2	RB98710	0,84	0,40	2,80	1,84	83,80	13,10	11,30	0,80	112,30	42,40	26,27
2	B76734	0,83	0,50	2,60	1,82	92,00	12,90	10,20	0,60	101,20	48,50	23,13
2	CB38-22	0,60	0,50	2,70	1,65	70,50	12,90	8,65	1,10	90,81	52,00	24,17
2	MEX68-200	0,94	0,30	2,70	1,89	84,30	12,90	12,30	0,80	121,80	46,60	25,90
2	F150	0,80	0,30	2,70	2,06	75,00	12,80	8,90	1,00	92,27	48,10	25,97
2	RB0442	0,53	0,40	2,40	1,31	79,60	12,80	8,06	0,90	83,83	49,80	21,92
2	Co62175	1,07	0,30	3,00	1,84	85,60	12,70	12,50	0,70	123,20	49,90	24,25
2	RB011941	1,61	0,50	3,20	1,76	77,10	12,40	10,10	1,00	103,10	55,60	23,39
2	RB96524	0,84	0,40	2,70	1,62	68,60	12,40	7,50	1,20	80,65	50,90	24,82
2	CTC5	1,05	0,40	2,40	2,29	78,20	12,30	11,50	0,90	115,90	39,50	25,11
2	IANE 48-21	0,65	0,30	2,40	1,50	78,90	12,30	10,40	0,90	105,60	46,90	25,21
2	RB93509	0,95	0,30	2,90	1,80	68,00	12,30	9,36	1,20	98,39	34,10	23,84
2	RB01649	0,93	0,40	2,50	1,78	80,10	12,20	11,10	0,90	112,50	58,80	23,74
2	RB928064	1,20	0,30	2,70	1,91	82,90	12,20	9,79	0,80	98,77	48,80	25,04
2	RB72910	1,23	0,60	2,80	2,54	76,00	12,10	7,90	1,00	82,87	41,80	24,77
2	RB01623	1,15	0,50	2,90	1,58	70,50	12,00	6,94	1,10	74,48	51,00	21,60
2	IAC86-2210	0,84	0,30	2,80	2,01	77,40	11,80	10,10	1,00	102,60	44,30	27,45
2	RB047232	0,74	0,20	2,40	1,82	81,70	9,71	12,50	0,90	125,10	48,90	26,03

^aPMC = peso médio de colmo (Kg); PP = peso médio da palha (Kg); DC = diâmetro médio de colmo (cm); CC = comprimento médio de colmo (m); PUR = pureza do caldo (%); FIB = teor de fibra (%); PC = conteúdo de sacarose na cana (%); AR = açúcares redutores (%); ATR = açúcar total recuperável (kg t⁻¹ de cana); MS = massa seca da cana (%); TL = teor de lignina (%).

Uma maior dispersão dos genótipos pode ser observada dentro do grupo 1 (Figura 1). Isso pode ser explicado pelo fato dos genótipos desse grupo descenderem de duas espécies: *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum*. Esse resultado já era esperado, uma vez que essas espécies apresentam alto teor de fibra e baixo conteúdo de sacarose (Tabela 3).

No grupo G2, 27 genótipos são de programas brasileiros, sendo 19 da RIDESA (Tabelas 1 e 3). A maioria dos genótipos desse grupo são híbridos descendentes de cruzamentos biparentais entre genitores usados por diferentes programas de melhoramento genético no Brasil, com destaque para a participação das cultivares RB72454 e SP70-1143. Essas duas foram genitoras de 4 e 5 genótipos, respectivamente (Tabela 1). As cultivares RB72454 e SP70-1143 são os principais genitores do programa de melhoramento genético da RIDESA, sendo que das 78 cultivares liberadas pelo programa, 17 são filhas da RB72454 e SP70-1143. Dessas 17 cultivares, 10 são descendentes do cruzamento entre os dois principais genitores.

As atuais cultivares de cana-de-açúcar foram desenvolvidas a partir de hibridações interespecíficas envolvendo *S. officinarum* e *S. spontaneum*, seguido de sucessivos retrocruzamentos com *S. officinarum*, visando o desenvolvimento de cultivares com alto teor de açúcar, elevado perfilhamento e com maior tolerância a pragas e doenças (Tew e Cobill, 2008). Devido aos sucessivos retrocruzamentos, aproximadamente 90% da composição do genoma dos genótipos do G2 descende de *S. officinarum* (Ming et al., 2006).

As maiores contribuições para análise de diversidade foram dos caracteres diâmetro médio de colmo (DC), peso médio de colmo (PMC), teor de fibra (FIB), pol percento cana (PC) e peso da palha (PP), demonstrando a importância desses caracteres para estudos de diversidade genética e conseqüentemente, para a escolha de genitores e cruzamentos que otimizem o processo de desenvolvimento de variedades cana energia (Tabela 4).

Dentre os caracteres quantitativos avaliados nesse estudo, o teor de lignina (TL) foi o que menos contribuiu para a análise de diversidade. Isso pode ser observado a partir da correlação do TL com a primeira variável canônica (CAN1) (Tabela 4). Entretanto, o TL é um dos caracteres mais importantes para a geração de energia elétrica por meio de sua combustão (Rabelo et al., 2011).

TABELA 4 – Média, desvio-padrão (DP), valores máximos e mínimos dos caracteres quantitativos nos dois grupos (G1 e G2) e o coeficiente de correlação dos caracteres com a primeira variável canônica (CAN1).

Grupo (G1)			Grupo (G2)			CAN1 ^b	CAN2
Média ± DP	Máximo	Mínimo	Média ± DP	Máximo	Mínimo		
0,22 ± 0,08	0,38	0,11	0,92 ± 0,27	1,61	0,46	0,85	0,07
0,16 ± 0,07	0,36	0,06	0,37 ± 0,09	0,57	0,17	0,75	0,06
1,39 ± 0,31	2,09	0,88	2,64 ± 0,30	3,24	1,81	0,94	0,08
1,60 ± 0,41	2,44	1,05	1,90 ± 0,29	2,57	1,31	0,41	0,03
70,29 ± 9,76	85,61	48,55	79,77 ± 6,38	92,13	62,73	0,53	0,04
16,73 ± 1,82	19,24	14,20	13,26 ± 1,18	15,73	9,71	-0,80	-0,07
5,94 ± 2,17	10,32	2,89	10,21 ± 1,79	12,96	4,51	0,76	0,06
1,03 ± 0,20	1,47	0,70	0,88 ± 0,15	1,29	0,55	-0,40	-0,03
64,87 ± 18,95	104,70	40,21	103,54 ± 15,86	127,66	53,74	0,77	0,06
42,41 ± 10,19	60,70	22,29	49,22 ± 7,25	77,82	34,14	0,37	0,03
25,45 ± 1,46	27,66	22,36	24,67 ± 1,41	27,45	21,60	-0,25	-0,02

^aPMC = peso médio de colmo (kg); PP = peso médio da palha (kg); DC = diâmetro médio de colmo (cm); CC = comprimento médio de colmo (m); PUR = pureza do caldo (%); FIB = teor de fibra (%); PC = conteúdo de sacarose na cana (%); AR = açúcares redutores (%); ATR = açúcar total recuperável (kg t⁻¹ de cana); MS = massa seca da cana (%); TL = teor de lignina (%); ^bCAN1 = primeira variável canônica; CAN2 = segunda variável canônica.

Os genótipos do grupo G1 apresentaram médias maiores em relação ao G2 apenas para os caracteres TL, AR e FIB. O teor de fibra médio do grupo G1 foi superior a média das principais cultivares em uso atualmente no Brasil (Tabela 4), com destaque para os genótipos 57NG12 e IM76-228 que apresentaram teores de fibra acima de 19%.

Nos dois grupos, são predominantes os genótipos com hábito de crescimento ereto, índice de floração elevado e panículas expandidas, além de ausência de tombamento, rachadura, raízes aéreas e joçal (Tabela 5).

Todos os genótipos do grupo G1 apresentam floração na fase de panícula expandida e chochamento elevado, características essas indesejáveis nos cultivos comerciais. Porém, deve ser considerado o fato dos genótipos terem sido avaliados na estação de cruzamento da RIDESA/UFAL, onde as condições climáticas são favoráveis ao florescimento da cana-de-açúcar (Barbosa et al., 2002). As gemas com espessura menor ou igual a 1 mm, perfilhamento elevado, despalha difícil e colmos sem brotação lateral também são características marcantes desse grupo. No grupo G2, a maioria dos genótipos possuem menor teor de fibra e maior conteúdo de sacarose, além de gemas de aproximadamente 2 mm, perfilhamento médio, despalha regular e colmos com pouca brotação lateral (Tabela 5).

TABELA 5 – Número de genótipos em cada uma das categorias dos caracteres morfológicos nos dois grupos (G1 e G2) formados de acordo com a estratégia Ward-MLM.

Caracteres	Grupos		Caracteres	Grupos	
	G1	G2		G1	G2
Índice de floração			Rachadura		
<i>Ausente</i>	0	4	<i>Ausente</i>	11	26
<i>Reduzido</i>	1	1	<i>Pouco</i>	2	6
<i>Regular</i>	2	3	<i>Regular</i>	0	4
<i>Elevado</i>	10	29	<i>Elevado</i>	0	1
Floração			Brotação lateral		
<i>Ausente</i>	0	3	<i>Ausente</i>	8	15
<i>gema diferenciada</i>	0	3	<i>Pouco</i>	5	20
<i>fase de cartucho</i>	0	4	<i>Abundante</i>	0	2
<i>panícula expandida</i>	13	27	Joçal		
Chochamento			<i>Ausente</i>	6	17
<i>Ausente</i>	0	8	<i>Pouco</i>	0	11
<i>Baixo</i>	0	12	<i>Médio</i>	2	7
<i>Médio</i>	0	9	<i>Elevado</i>	5	2
<i>Elevado</i>	13	8	Gema		
Tombamento			<i>1 mm</i>	9	14
<i>Ausente</i>	8	23	<i>2 mm</i>	4	16
<i>inclinação menor que 30°</i>	5	13	<i>3 mm</i>	0	7
<i>entre 30° e 60°</i>	0	1	Perfilhamento		
Despalha			<i>Baixo</i>	1	5
<i>Fácil</i>	0	4	<i>Médio</i>	1	24
<i>Regular</i>	1	20	<i>Elevado</i>	11	8
<i>Difícil</i>	12	13	Hábito de crescimento		
Raízes aéreas			<i>Ereto</i>	8	26
<i>Ausente</i>	7	33	<i>semi-decumbente</i>	5	11
<i>Pouco</i>	6	4	<i>Decumbente</i>	0	0

Para aumentar a probabilidade de obtenção de genótipos superiores, é recomendável efetuar o cruzamento de genitores contrastantes (Hallauer et al., 2010). Nesse sentido, é primordial levar em consideração o grau de parentesco existente entre os genitores. O método de agrupamento UPGMA (Sneath e Sokal, 1973), usando a matriz de parentesco obtida a partir dos dados de pedigree, contribuiu para a identificação da relação de parentesco entre genótipos (Figura 2).

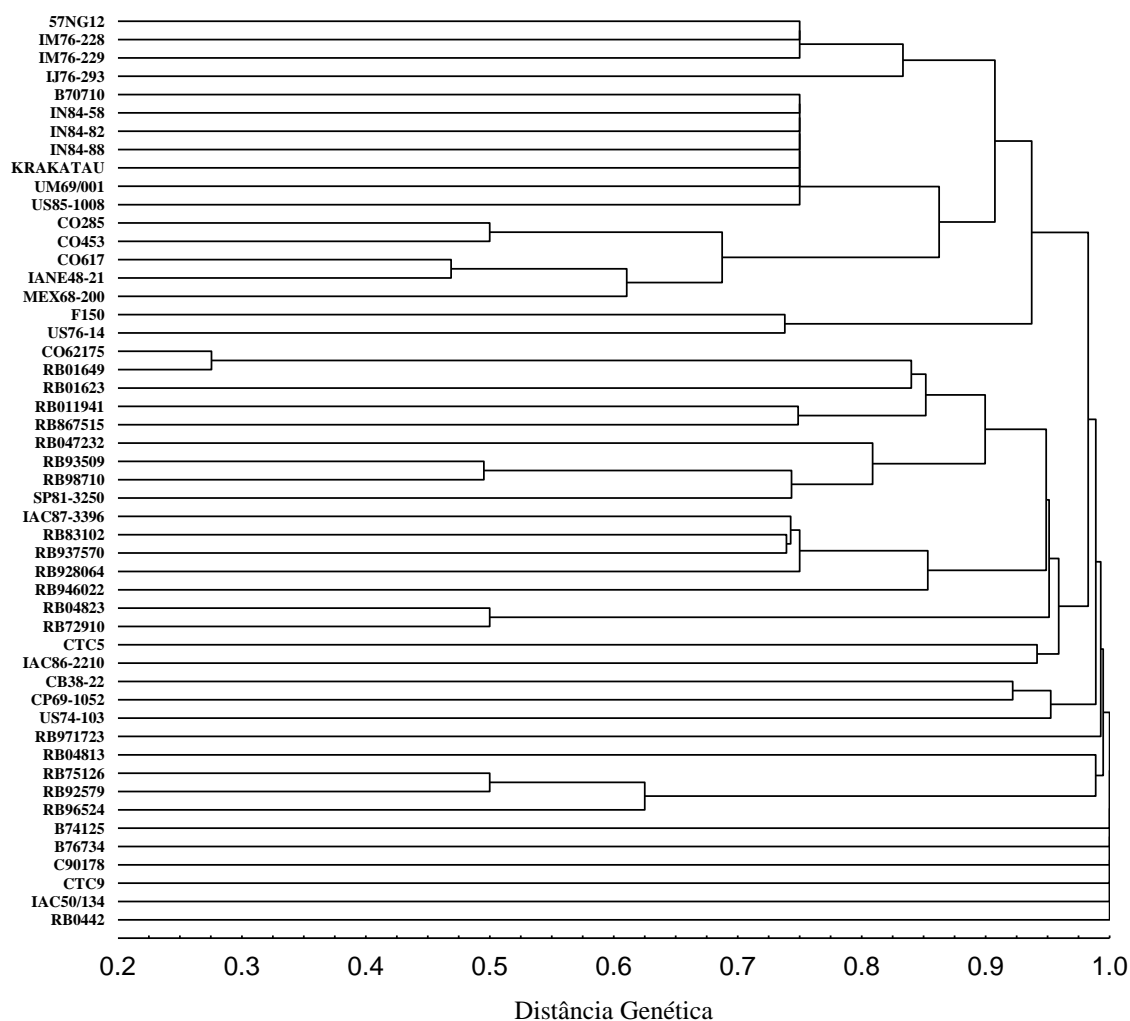


FIGURA 2 – Dendrograma gerado via método UPGMA a partir do inverso da matriz de parentesco $(1 - (2 \times r_{xy}))$ entre 50 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma da UFAL/RIDESA (coeficiente de correlação cofenética = 0,88).

A correlação entre a matriz cofenética do agrupamento hierárquico UPGMA e o inverso da matriz de parentesco foi satisfatório (coeficiente de correlação cofenética = 0,88), apresentando pouca distorção no gráfico gerado (Figura 2).

No dendrograma, somente os genótipos C90178, US74-103 e US76-14 não ficaram próximos dos outros genótipos do grupo G1 (Figura 2). Isso ocorreu devido à ausência de informação sobre os genitores do genótipo C90178, e por conta dos genótipos US74-103 e US76-14 não descenderem diretamente de *S. robustum* ou *S. spontaneum* (Tabela 1). Entretanto, a estreita relação desses genótipos com o grupo G1, conforme observado a partir das características morfológicas e agrônômicas avaliadas, sugere que os seus genitores sejam descendentes de *S. spontaneum* ou *S. robustum*.

O coeficiente de correlação de Pearson (r) entre a similaridade genética (SG) e o coeficiente de parentesco (COP) foi de apenas 0,08 demonstrando uma baixa associação entre as duas estratégias de estimação da variabilidade genética (Figura 3).

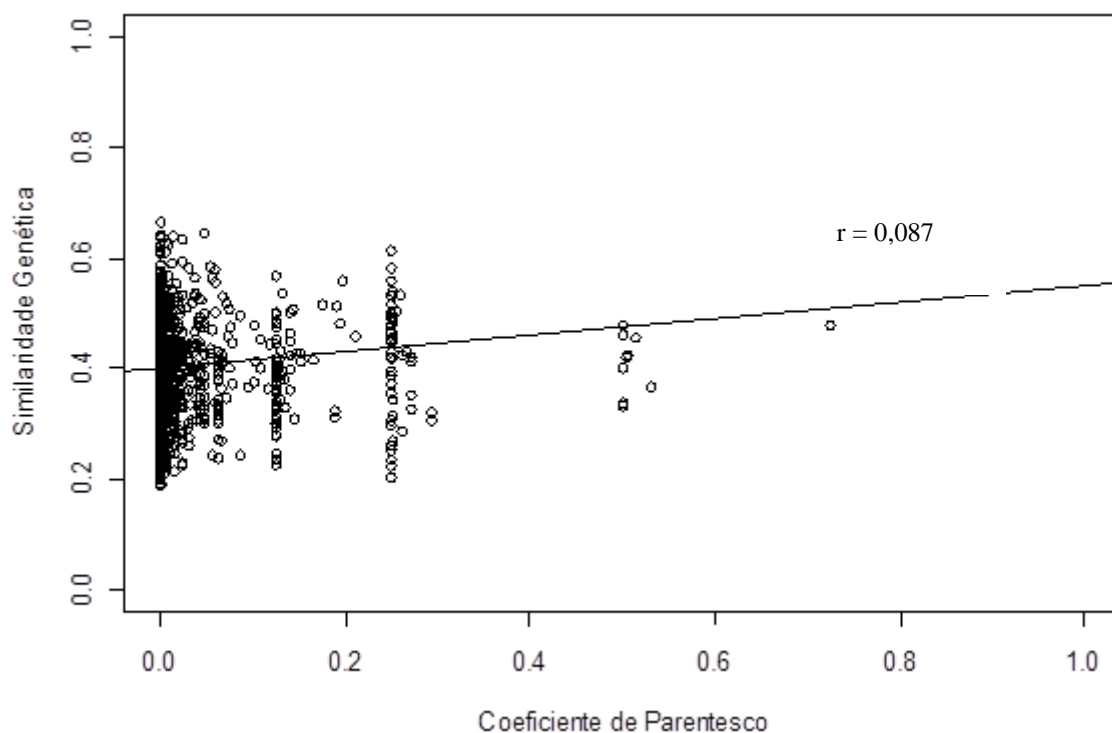


FIGURA 3 – Plotagem da correlação entre o coeficiente de parentesco ($2 \times r_{xy}$) e a similaridade genética ($1 - \text{distância de Gower}$) entre 1.225 pares de genótipos de cana-de-açúcar.

A baixa correlação entre SG e COP em cana-de-açúcar também foi observado por Lima et al. (2002). Embora esses autores tenham usado dados de marcadores AFLP, a correlação encontrada entre SG e COP foi de apenas 0,42. Duarte Filho et al. (2010) também encontrou uma baixa correlação entre SG e COP ($r = 0,17$) ao avaliar genótipos de cana-de-açúcar usando dados de marcadores SSR. Esses resultados confirmam a necessidade do uso complementar de diferentes análises de diversidade genética de forma a agregar maior conhecimento sobre o germoplasma disponível nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

Enquanto a maior parte dos valores de similaridade genética (SG) ficaram entre 0,3 e 0,6, a maioria dos coeficientes de parentesco (COP) ficaram entre 0 e 0,2 (Figura 3). Esses valores revelam a existência de variabilidade genética entre os genótipos envolvidos nesse

estudo, a qual pode ser explorada pelos programas de melhoramento. Contudo, vale destacar que os baixos valores de COP, em parte, podem estar relacionados à falta de informações sobre a genealogia de alguns genótipos (Tabela 1). Por outro lado, há de se considerar que a cana-de-açúcar é de natureza poliplóide, o que possibilita inúmeras combinações alélicas num único loco durante a fecundação. Com isso, tem-se grande variabilidade fenotípica entre os descendentes de cruzamentos entre genitores contrastantes. De todas as combinações possíveis entre pares de genótipos (1.225), em apenas 10 o valor de COP foi superior a 0,4 (Figura 3). O único valor relativamente elevado (0,72) foi obtido entre mãe (Co62175) e filha (RB01649). Os coeficientes de endogamia também foram baixos para todos os genótipos, variando entre 0 e 0,05 (Tabela 1), demonstrando alta heterozigose nos genótipos de cana-de-açúcar avaliados.

Segundo Tew e Cobill (2008), a cana-de-açúcar atualmente cultivada apresenta aproximadamente 12% de fibra, 13% de açúcar e 75% de água. Segundo os mesmos autores, o melhoramento genético para obtenção de cana energia deve ter como meta desenvolver cultivares com 30% de fibra, 5% de açúcar e 65% de água. Deve-se considerar que o caminho a ser percorrido para obtenção de genótipos com essas características é relativamente longo. Além disso, considerando que as usinas ainda não estão preparadas para processar cana-de-açúcar com teores de fibra superiores a 20%, o desenvolvimento de cultivares com teores de fibra em torno de 17% e que mantenham aproximadamente 13% de sacarose atenderia as necessidades atuais do setor sucroenergético. Esse tipo de cana aumentaria a capacidade de produção de biomassa ao incrementar o percentual de fibra, sem causar perdas na produção de açúcar.

A condução de cruzamentos envolvendo genótipos do grupo G1, principalmente aqueles com teor de fibra acima de 17% (IJ76-293, 57NG12, IN84-82, IN84-88, IM76-228 e UM69/001), com os genótipos do grupo G2, que apresentam elevada produtividade de colmos (RB92579, RB83102, RB047232, RB867515, RB971723, RB937570, RB011941, RB75126, MEX68-200, Co62175 e CP691052) (Tabela 3), além de cruzamentos entre os melhores genótipos dentro de cada grupo, devem ser explorados com a finalidade de desenvolver cultivares cana energia por meio da seleção recorrente recíproca (SRR).

4 CONCLUSÃO

As análises de diversidade genética e do coeficiente de parentesco permitiram a identificação de dois grupos heteróticos com genitores potenciais para obtenção de cultivares

cana energia. No grupo G1 é recomendado o uso dos genitores IJ76-293, 57NG12, IN84-82, IN84-88, IM76-228 e UM69/001) e no grupo G2, recomenda-se o uso dos genitores RB92579, RB83102, RB047232, RB867515, RB971723, RB937570, RB011941, RB75126, MEX68-200, Co62175 e CP691052.

A utilização das distâncias genéticas com base em dados morfo-agronômicos e do pedigree devem ser usadas de forma complementar, com a finalidade de agregar maior conhecimento sobre os genitores potenciais para a geração de cultivares cana energia.

REFERÊNCIAS

BARBÉ, T.C.; AMARAL, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; SCAPIM, C.A. Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. **Euphytica**, v.173, p.337-343, 2009.

BARBOSA, G.V.S.; CRUZ, M.M.; SOARES, L.; ROCHA, A.M.C.; RIBEIRO, C.A.G.; SOUSA, A.J.R.; FERREIRA, J.L.C.; BARRETO, E.J.S.; SILVA, W.C.M.; SANTOS, A.V.P. A brief report on sugarcane breeding program in Alagoas, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, p.613-616, 2002.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BARBOSA, G.V.S.; OLIVEIRA, R.A.; PETERNELLI, L.A.; DAROS, E. Genetic improvement of sugarcane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, p.87-98, 2012.

BRASILEIRO, B.P.; SILVA, S.A.; SOUZA, D.R.; SANTOS, P.A.; OLIVEIRA, R.S.; LYRA, D.H. Genetic diversity and selection gain in the physic nut (*Jatropha curcas*). **Genetics and Molecular Research**, v.12, p.2341-2350, 2013.

BRASILEIRO, B.P. MARINHO, C.D.; COSTA, P.M.A.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Genetic diversity in sugarcane varieties in Brazil based on the Ward-Modified Location Model clustering strategy. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.1650-1660, 2014.

CABRAL, P.D.S.; SOARES, T.C.B.; GONCALVES, L.S.A.; AMARAL, A.T.; LIMA, A.B.P.; RODRIGUES, R.; MATTA, F.D. Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1124-1132, 2010.

CAPAZ, R.S.; CARVALHO, V.S.B.; NOGUEIRA, L.A.H. Impact of mechanization and previous burning reduction on GHG emissions of sugarcane harvesting operations in Brazil. **Applied Energy**, v.102, p.220-228, 2013.

CARDONA, C.A.; QUINTERO, J.A.; PAZ, I.C. Production of bioethanol from sugarcane bagasse: status and perspectives. **Bioresource Technology**, v.101, p.4754-4766, 2010.

DIAS, M.O.S.; JUNQUEIRA, T.L.; CAVALETT, O.; CUNHA, M.P.; JESUS, C.D.F.; MANTELATTO, P.E.; ROSSELL, C.E.V.; MACIEL FILHO, R.; BONOMI, A. Cogeneration in integrated first and second generation ethanol from sugarcane. **Chemical Engineering Research and Design**, v.91, p.1411-1417, 2013.

DUARTE FILHO, L.S.C.; SILVA, P.P.; SANTOS, J.M.; BARBOSA, G.V.S.; RAMALHONETO, C.E.; SOARES, L.; ANDRADE, J.C.F.; ALMEIDA, C. Genetic similarity among genotypes of sugarcane estimated by SSR and coefficient of parentage. **Sugar Tech**, v.12, p.145-149, 2010.

FERNANDES, A.C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Piracicaba: STAB, 2003. 193p.

FRANCO J.; CROSSA, J.; VILLASENOR, J.; TABA, S.; EBERHART, S.A. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, v.38, p.1688-1696, 1998.

GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v.27, p.857-871, 1971.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York: Springer, 2010. 663p.

HOFSETZ, K.; SILVA, M. A. Brazilian sugarcane bagasse: Energy and non-energy consumption. **Biomass and Bioenergy**, v.46, p.564-573, 2012.

KEMPTHORNE O. **An introduction to genetic statistics**. Ames: Iowa State University Press, 1973. 545p.

LIMA, M.L.A.; GARCIA, A.A.F.; OLIVEIRA, K.M.; MATSUOKA, S.; ARIZONO, H.; C.L. SOUZA.; JUNIOR, C.L.; SOUZA, A.P. Analysis of genetic similarity detected by AFLP and coefficient of parentage among genotypes of sugar cane (*Saccharum* spp.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.104, p.30-38, 2002.

MING, R.; MOORE, P.H.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C.; TEW, T.L.; MIRKOV, T.E.; DA SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHELL, R.J.; BRUMBLEY, S.M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J.C.; PATERSON, A.H. Sugarcane Improvement through Breeding and Biotechnology. *In*: JANICK, J. **Plant breeding reviews**. New York, John Wiley & Sons cap.2, p.15-118, 2006.

OLIVEIRA, R. S.; SILVA, S.A.; BRASILEIRO, B.P.; MEDEIROS, E.P.; ANJOS, E.V.A. Genetic divergence on castor bean using the ward-mlm strategy. **Revista Ciência Agronômica**, v.44, p.564-570, 2013.

PEREIRA, V. M.; BORGES, C.V.; BRANDAO, L.P.; OLIVEIRA, L.S.; SOUZA, C.P.F.; GONCALVES, Z.S.; SANTOS-SEREJO, J.A.; FERREIRA, C.F.; AMORIM, E.P.; LEDO, C.A.S. Genetic diversity between improved banana diploids using canonical variables and the Ward-MLM method. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.1480-1488, 2012.

PESTANANA, R.K.N.; AMORIM, E.P.; FERREIRA, C.F.; AMORIM, V.B. DE O.; OLIVEIRA, L.S.; LEDO, C.A.S.; SILVA, S.O. Agronomic and molecular characterization of gamma ray induced banana (*Musa sp.*) mutants using a multivariate statistical algorithm. **Euphytica**, v.178, p.151-158, 2011.

PETERNELLI, L.A. FERREIRA, F.M.; ROCHA, R.B.; BARROS , W.S.; BARBOSA, M.H.P.; Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R. **Bragantia**, v.68, p.849-855, 2009.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2013) **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Available at < <http://www.R-project.org/>> Assessed in April 2013.

RABELO, S.C.; CARRERE, H.; MACIEL FILHO, R.; COSTA, A.C. Production of bioethanol, methane and heat from sugarcane bagasse in a biorefinery concept. **Bioresource Technology**, v.102, p.7887-7895, 2011.

SANTOS, J.M.; DUARTE FILHO, L.S.C.; SORIANO, M.L.; DA SILVA, P.P.; NASCIMENTO, V.X.; BARBOSA, G.V.S.; TODARO, A.R.; RAMALHO NETO, C.E.; ALMEIDA, C. Genetic diversity of the main progenitors of sugarcane from the RIDESA germplasm bank using SSR markers. **Industrial Crops Products**, v.40, p.145-150, 2012.

SEABRA, J.E.A.; TAO, L.; CHUM, H.L.; MACEDO, I.C. A techno-economic evaluation of the effects of centralized cellulosic ethanol and co-products refinery options with sugarcane mill clustering. **Biomass and Bioenergy**, v.34, p.1065-1078, 2010.

SNEATH, P.H.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**. v.11, p.33-40, 1962.

TEW, T.L.; COBILL, R.M. Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum spp.*) as an Energy Crop. In: VERMERRIS, W. **Genetic Improvement of Bioenergy Crops**. Springer, New York, 2008, cap.9, p.273-294.

CAPÍTULO II

ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE CANA ENERGIA COM BASE EM CARACTERES DE PRODUÇÃO E QUALIDADE DE BIOMASSA

RESUMO

Esse trabalho tem como objetivo identificar os caracteres de maior influência sobre a produção de cana, fibra e lignina, visando otimizar o processo de avaliação e seleção de famílias de cana energia. Foram avaliadas 50 famílias de irmãos completos, cada família representada por 3 repetições, constituídas por parcelas de 20 plantas, totalizando 60 plantas por cruzamento. Os caracteres avaliados nas 150 parcelas foram: altura média de colmo (AC); diâmetro médio de colmo (DC); número médio de colmo por planta (NC); peso médio de colmo (PMC); teor de fibra (FIB), teor de lignina (LIG), tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de fibra por hectare (TFH) e tonelada de lignina por hectare (TLH). A partir da análise de trilha foi possível verificar que os caracteres PMC e NC, nesta ordem, apresentaram os maiores efeitos diretos sobre TCH, TFH e TLH, sendo estes indiretamente afetados em maior proporção pelo NC. Os efeitos diretos de FIB, LIG, AC e DC sobre os caracteres TCH, TFH e TLH, foram inferiores aos efeitos residuais nas análises realizadas, demonstrando pouca importância no processo de seleção. O aumento de TFH e TLH ocorre principalmente, devido a maior produção de biomassa, que está associada a maior capacidade de perfilhamento e ao peso médio de colmo das famílias. Sendo assim, a seleção de famílias com maiores teores de fibra pode não apresentar ganhos genéticos caso as médias para TCH dos seus descendentes sejam baixas. Portanto, a seleção das melhores famílias de cana energia deve ser realizada com base no TCH, que pode ser estimado via NC e PMC.

Palavras chave: *Saccharum* spp., Biomassa, Fibra, Lignina, Correlação genética

SELECTION STRATEGY IN FAMILIES OF ENERGY CANE BASED ON BIOMASS PRODUCTION AND QUALITY TRAITS

ABSTRACT

The aim of this study was to identify the traits that most affect production of sugarcane, fiber, and lignin with a view toward optimizing the process of assessment and selection of families of energy cane. Fifty families of full sibs were assessed, each family represented by 20-plant plots with 3 replications, for a total of 60 plants per cross. The traits assessed in the 150 plots were mean stalk height (SH); mean stalk diameter (SD); mean number of stalks per plant (NS); mean stalk weight (MSW); fiber content (FIB), lignin content (LIG), tons of sugarcane per hectare (TCH), tons of fiber per hectare (TFH), and tons of lignin per hectare (TLH). Based on path analysis, it was possible to observe that the traits MSW and NS, in that order, exhibited the greatest direct effects on TCH, TFH, and TLH, and they were indirectly affected to a greater degree by NS. The direct effects of FIB, LIG, SH, and SD on the traits TCH, TFH, and TLH were less than the residual effects on the analyses carried out, showing little importance in the selection process. The increase of TFH and TLH mainly occurs due to greater biomass production, which is associated with greater tillering capacity and with the mean stalk weight of the families. Thus, selection of families with greater fiber contents might not show genetic gains if the mean values for TCH of their offspring are low. Therefore, selection of the best families for energy cane should be carried out based on TCH, which may be estimated by way of NS and MSW.

Keywords: *Saccharum* spp., Biomass, Fiber, Lignin, Genetic correlation

1 INTRODUÇÃO

A sacarose contida na cana-de-açúcar tem sido utilizada amplamente na produção de açúcar e etanol. O bagaço, principal resíduo desse processo é usado pelas usinas apenas para a cogeração de energia elétrica, apesar de apresentar grande potencial na produção de etanol de segunda geração (etanol celulósico) (Rabelo et al., 2011; Hofsetz e Silva, 2012). No Brasil, com a recente proibição do uso do fogo na despalha prévia à colheita da cana-de-açúcar, além do bagaço, resíduos como folhas e ponteiros (palha) também vêm ganhando importância econômica (Seabra et al., 2010; Capaz et al., 2013).

Com a viabilidade do uso da palha na produção de etanol (etanol de segunda geração) e energia elétrica (termoeletricidade), principalmente em função do elevado rendimento de biomassa e do baixo custo de produção (Cardona et al., 2010, Dias et al., 2013), a cana-de-açúcar passou a ser uma das principais opções para o setor energético. A maior competitividade se deve principalmente em função da técnica de cultivo já ser dominada, do parque industrial já estar montado e do considerável número de usinas distribuídas nas diferentes regiões do Brasil, produzindo energia elétrica a partir dos resíduos (Dias et al., 2013). Vale destacar que a área de cultivo da cana-de-açúcar no Brasil já ultrapassa 8,5 milhões de hectares, com produção de 588 milhões de toneladas de cana-de-açúcar na última safra (2013/2014) (CONAB, 2014). Em um cenário mais otimista, com a possibilidade de gerar 120 quilowatts-hora (KWh) por tonelada de cana moída, a quantidade de cana processada na última safra seria suficiente para produzir mais de 70 milhões de megawatts-hora (MWh). Nesse mesmo período, a maior hidrelétrica do Brasil e do Mundo (Itaipu) gerou 98 milhões de MWh, quantidade suficiente para suprir o consumo brasileiro de energia durante 79 dias (ITAIPU, 2014).

Nos últimos anos, os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, deram maior ênfase ao desenvolvimento de cultivares com maior rendimento de sacarose, com vistas a produção de açúcar e etanol (Dal-Bianco et al., 2012). A demanda atual por maior quantidade de biomassa para produção de etanol de segunda geração e de energia elétrica faz com que novas linhas de pesquisa sejam iniciadas visando o desenvolvimento de cultivares de cana-de-açúcar com maiores teores de fibra, denominadas cana energia (Loureiro et al., 2011).

Para a produção de etanol celulósico é desejável cultivares que apresentem elevada produção de biomassa, porém com baixo teor de lignina e elevados teores de celulose e

hemicelulose na fibra (Tew e Cobill, 2008). Entretanto, cultivares com maior teor de lignina são preferíveis caso o objetivo seja a produção de pellets e briquetes para queima em siderúrgicas e outras indústrias, por ser a lignina o componente da fibra com maior poder calorífico (Loureiro et al., 2011).

A determinação do teor de lignina presente na fibra requer maior tempo e alto custo, sendo muitas vezes inviável realizar tais avaliações na fase inicial dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, tendo em vista o grande número de famílias e genótipos levados a campo após as hibridações.

Portanto, visando facilitar a seleção de indivíduos com maior produtividade e qualidade da biomassa, torna-se importante compreender a associação entre os caracteres componentes da produção, como peso médio de colmo, número médio de colmo, diâmetro médio de colmo e altura média de colmo, além dos componentes de qualidade, como os teores de fibra e lignina. Entretanto, a simples correlação entre os caracteres não é uma medida de causa e efeito e a interpretação direta das suas magnitudes pode resultar em equívocos na estratégia de seleção.

A alta correlação entre os caracteres pode ser resultado do efeito de uma terceira característica ou de um grupo de caracteres sobre a variável resposta (Silva et al., 2012). Nesse caso, o uso da análise de trilha permite desdobrar os coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos sobre uma variável principal (Tyagi e Lal, 2007), permitindo que os programas de melhoramento da cana-de-açúcar definam as melhores estratégias a serem adotadas na avaliação das famílias (Silva et al., 2009; Espósito et al., 2012; Brasileiro et al., 2013).

A análise de trilha visa apontar as características mais adequadas para direcionar a seleção, uma vez que a avaliação das famílias torna-se muitas vezes um trabalho bastante moroso (Barbosa e Silveira, 2012). Além disso, o conhecimento de um padrão consistente de relacionamento entre os caracteres componentes da produção e da qualidade da biomassa pode trazer novas percepções nas estimativas de produtividade.

O objetivo deste trabalho é identificar os caracteres de maior influência sobre a produção de cana, fibra e lignina, visando otimizar o processo de avaliação e seleção de famílias de cana energia.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Para o presente estudo, foram utilizadas 50 famílias de irmãos completos provenientes de cruzamentos realizados no ano de 2012, na Estação Experimental da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, AL, Brasil, com latitude 9°13' S; longitude 35°50' W; altitude 450 m. As cariopses originadas dos cruzamentos biparentais, após beneficiamento, foram enviadas para a Estação Experimental da Universidade Federal do Paraná, no município de Paranaíba, PR, Brasil, com latitude de 23°05'S; longitude de 52°27'W; altitude de 503 m; solo LVE, onde foram realizados o semeio, obtenção das plântulas e instalação do experimento em outubro de 2012, no delineamento em blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída de 20 plantas, distribuídas em dois sulcos de 8m de comprimento, espaçados em 1,40 m. Os dados de cana planta foram coletados em agosto de 2013, dez meses após o plantio.

Os caracteres avaliados nas famílias em nível de parcela foram: altura média de colmo (AC) em metros, mensurando-se um colmo de cada planta da parcela, desde a base do colmo até o primeiro dewlap visível; diâmetro médio de colmo (DC) em centímetros, com a amostragem feita no terceiro internódio, contado da base do colmo para o ápice, mensurando-se um colmo de cada planta da parcela com paquímetro; número médio de colmo por planta (NC) obtido conforme a expressão: $NC = \frac{\text{número de colmos da parcela}}{n}$, onde n é o número de plantas sobreviventes na parcela; peso médio de colmo (PMC) estimado com a pesagem de 20 colmos por parcela; teor de fibra (FIB) em percentagem e teor de lignina (LIG) em percentagem. O teor de fibra foi estimado a partir da análise tecnológica realizada em uma amostra de 500g obtida com a moagem de 20 canas por parcela e o teor de lignina a partir de amostras de 5g de matéria seca submetidas à análise NIR (Near Infrared Reflectance).

Foi calculado o peso médio de colmo real (PMCr) com a pesagem de todas as plantas da parcela (massa total da parcela) e a contagem do número de colmos da parcela, conforme a expressão: $PMCr = \frac{\text{massa total da parcela}}{\text{número de colmos da parcela}}$.

Com isso foi possível obter a tonelada de cana por hectare real (TCH) $TCH = \frac{(NC \times PMCr \times 10)}{AP}$, em que AP é área ocupada por cada planta da parcela em m² (AP = 1,12) e 10 é a constante usada para conversão do peso da parcela em tonelada por hectare. Devido ao grande número de plantas mortas em algumas parcelas do experimento, houve a preocupação de obtenção do TCH a partir das expressões supracitadas, visando não penalizar

as famílias com menor número de plantas sobreviventes, tendo em vista que boa parte das mortes foi em decorrência da qualidade das mudas.

A partir dos caracteres TCH, FIB e LIG foi possível estimar a tonelada de fibra por hectare (TFH): $TFH = \frac{(TCH \times FIB)}{100}$ e a tonelada de lignina por hectare (TLH): $TLH = \frac{(TFH \times LIG)}{100}$.

Na análise dos dados das famílias foi utilizado o seguinte modelo estatístico: $\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wf} + \mathbf{e}$, em que: \mathbf{y} = vetor de dados; \mathbf{r} é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) e somados a média geral; \mathbf{a} é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios); \mathbf{f} é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos completos (assumidos como aleatórios); \mathbf{e} é o vetor de resíduos (aleatórios). \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência para os efeitos a elas associados.

A matriz de correlação genética entre os caracteres foi obtida a partir das médias corrigidas conforme o modelo apresentado anteriormente e usando o programa Selegen – REML/BLUP (Resende, 2007).

Foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade na matriz de correlação entre as variáveis explicativas de acordo com as recomendações de Montgomery e Peck (1992). Posteriormente, foi realizada a análise de trilha conforme os diagramas causais apresentados na Figura 1.

As variáveis principais ($\mathbf{x}_0 = \text{TCH, TFH e TLH}$) de cada análise de trilha realizada foram determinadas pelos seus respectivos componentes da produção ($\mathbf{x}_i = \text{AC, DC, NC, PMC, FIB e LIG}$).

A decomposição das correlações (r_{x_0, x_i}) em seus efeitos diretos (\hat{p}_{x_i}) e indiretos ($\hat{p}_{x_i} r_{x_i, x_i}$) foi realizada a partir da solução do sistema de equações normais:

$$\begin{bmatrix} r_{x_0, x_1} \\ r_{x_0, x_2} \\ \vdots \\ r_{x_0, x_n} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{x_1, x_2} & \cdots & r_{x_1, x_n} \\ r_{x_2, x_1} & 1 & \cdots & r_{x_2, x_n} \\ \vdots & \cdots & \ddots & \vdots \\ r_{x_n, x_1} & r_{x_n, x_2} & \cdots & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{p}_1 \\ \hat{p}_2 \\ \vdots \\ \hat{p}_n \end{bmatrix}.$$

Os coeficientes de determinação R^2 e os efeitos residuais (\hat{p}_ε) dos modelos foram calculados conforme as equações: $R^2 = (\hat{p}_1 r_{x_0, x_1} + \hat{p}_2 r_{x_0, x_2} + \cdots + \hat{p}_n r_{x_0, x_n})$ e $\hat{p}_\varepsilon = (1 - R^2)^{1/2}$

As estimativas de correlação, o diagnóstico de multicolinearidade e as análises de trilha foram realizadas com o auxílio do programa R (R Development Core Team, 2014).

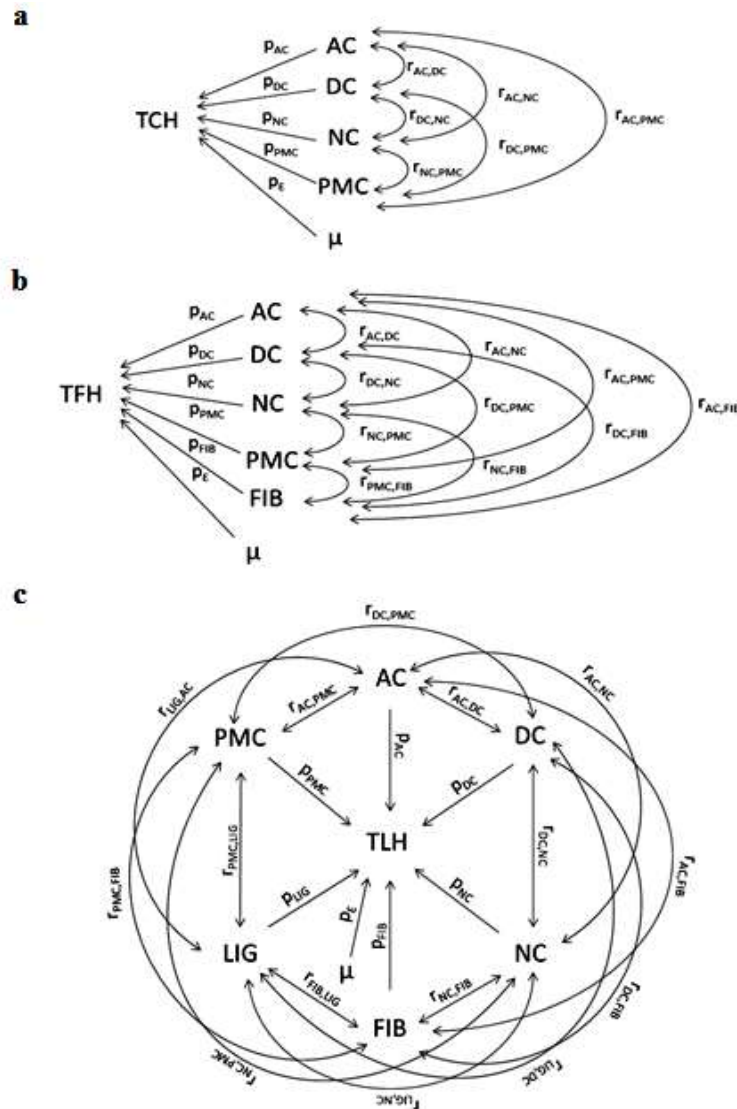


FIGURA 1 – Diagramas causais ilustrando os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas sobre as variáveis principais: a) tonelada de cana por hectare (TCH), b) tonelada de fibra por hectare (TFH) e c) tonelada de lignina por hectare (TLH). As setas em dupla direção indicam a associação mútua entre variáveis, determinada pelo coeficiente de correlação (r_{x_i, x_j}) e as setas em única direção representam o efeito direto, determinado pelo coeficiente de trilha (\hat{p}_{x_i}). NC = número médio de colmo, DC = diâmetro médio de colmo, AC = altura média de colmo, PMC = peso médio de colmo, FIB = teor de fibra e LIG = teor de lignina.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias dos caracteres avaliados nas famílias são apresentadas na Tabela 1.

TABELA 1 – Médias genotípicas e análise descritiva dos caracteres avaliados em 50 famílias de cana energia, Paranaíba, PR, Brasil, 2013.

Famílias		Caracteres								
Mãe	Pai	AC ^a	DC	NC	FIB	LIG	PMC	TCH	TFH	TLH
IN64-62 ⁺⁺	IM76-229 ⁺⁺⁺	1,55	1,38	14,18	15,85	25,17	0,39	46,88	7,35	1,91
RB01649 ⁺	IN84-58 ⁺⁺	1,48	1,45	14,12	15,20	25,32	0,46	56,38	8,62	2,23
IM76-228 ⁺⁺⁺	RB867515 ⁺	1,58	1,61	12,93	14,07	25,85	0,53	59,30	8,59	2,32
RB98710 ⁺	IM76-228 ⁺⁺⁺	1,47	1,67	12,08	13,76	25,76	0,63	64,24	8,77	2,29
RB867515 ⁺	IM76-228 ⁺⁺⁺	1,58	1,82	12,89	13,71	25,78	0,68	71,88	9,62	2,52
RB83102 ⁺	IM76-229 ⁺⁺⁺	1,51	1,60	13,64	13,67	25,06	0,60	69,47	9,40	2,35
IM76-228 ⁺⁺⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,44	1,57	12,86	13,66	25,50	0,48	52,22	7,14	1,87
Co617 ⁺⁺	KRAKATAU ⁺⁺	1,31	1,42	12,99	13,62	24,87	0,50	55,70	7,52	1,86
RB92579 ⁺	IM76-229 ⁺⁺⁺	1,53	1,69	12,46	13,60	25,19	0,67	73,98	9,93	2,46
RB93509 ⁺	KRAKATAU ⁺⁺	1,33	1,56	13,36	13,56	25,36	0,49	59,70	7,92	2,01
Co285 ⁺⁺	RB93509 ⁺	1,37	1,62	10,61	13,52	25,28	0,55	50,95	6,94	1,73
F150 ⁺⁺	IN84-68 ⁺⁺	1,19	1,37	10,34	13,47	24,70	0,44	39,10	5,09	1,27
CB36-22 ⁺	IN84-82 ⁺⁺	1,40	1,61	12,08	13,42	24,89	0,47	48,81	6,39	1,60
RB867515 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,47	1,56	12,78	13,22	25,95	0,56	64,63	8,53	2,25
UM69/001 ⁺⁺	Co285 ⁺⁺	1,41	1,63	10,80	13,07	24,92	0,53	54,23	7,49	1,52
RB72910 ⁺	Co285 ⁺⁺	1,49	1,67	12,48	12,92	24,94	0,52	59,67	7,63	1,84
RB93509 ⁺	Co285 ⁺⁺	1,37	1,73	10,59	12,85	24,78	0,60	54,57	6,76	1,64
RB011941 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,35	1,84	11,42	12,74	25,43	0,61	61,09	7,58	1,93
CTC5 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,33	1,49	11,01	12,74	24,61	0,46	44,45	5,56	1,37
IAC86-2210 ⁺	IN84-82 ⁺⁺	1,48	1,97	10,58	12,71	24,64	0,63	57,16	7,09	1,69
RB867515 ⁺	US76-14 [?]	1,51	1,79	12,61	12,46	25,08	0,61	66,77	8,40	2,11
IAC87-3396 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,40	1,67	11,97	12,44	25,33	0,57	60,51	7,47	1,88
RB047232 ⁺	Co285 ⁺⁺	1,36	1,79	9,47	12,34	24,42	0,54	44,21	5,44	1,31
RB93509 ⁺	Co453 ⁺⁺	1,41	2,08	9,00	12,28	25,72	0,68	53,32	6,54	1,70
Co285 ⁺⁺	57NG12 ⁺⁺⁺	1,40	1,76	9,14	12,17	25,26	0,56	43,74	5,31	1,36
CTC9 ⁺	UM69/001	1,43	1,85	9,73	12,14	24,90	0,66	54,96	6,62	1,60
SP81-3250 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,42	1,59	12,37	12,09	24,89	0,54	56,69	6,83	1,70
RB04813 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,32	1,61	10,75	12,06	24,99	0,49	45,88	5,49	1,39
SP81-3250 ⁺	IJ72-293 ⁺⁺⁺	1,56	1,73	11,42	11,92	25,08	0,66	64,21	7,70	1,93
RB937570 ⁺	UM69/001 ⁺⁺	1,45	1,96	9,81	11,86	24,98	0,66	53,73	6,47	1,60
RB928064 ⁺	US74-103 ⁺⁺	1,34	1,93	9,73	11,76	25,06	0,69	61,47	7,17	1,77
B70710 ⁺⁺	RB93509 ⁺	1,36	1,92	9,80	11,70	25,45	0,68	54,19	6,58	1,77
B76734	RB937570 ⁺	1,35	1,97	8,23	11,64	24,79	0,63	45,62	5,15	1,32
RB93509 ⁺	B70710 ⁺⁺	1,36	1,91	9,83	11,55	25,55	0,75	64,47	7,47	1,96
B70710 ⁺⁺	RB72910 ⁺	1,48	1,77	11,66	11,51	25,56	0,66	65,80	7,82	2,05
US74-103 ⁺⁺	RB96524 ⁺	1,17	1,88	7,71	11,51	25,16	0,62	49,27	5,61	1,37
CP691052 ⁺	B74125 [?]	1,27	1,75	9,89	11,50	24,67	0,59	51,82	5,95	1,45
RB01623 ⁺	UM69/001 ⁺⁺	1,27	1,88	7,57	11,45	24,75	0,63	42,44	4,81	1,16
Co62175 ⁺⁺	IANE48-21 ⁺⁺	1,43	2,12	10,50	11,41	25,22	0,69	63,66	7,05	1,78
CB38-22 ⁺	B70710 ⁺⁺	1,34	1,92	10,80	11,41	25,33	0,71	71,81	8,39	2,12
RB75126 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	1,39	2,04	9,47	11,35	25,17	0,61	47,97	5,45	1,40
MEX68-200 ⁺⁺	RB04823 ⁺	1,39	1,91	8,84	11,33	25,37	0,97	74,51	8,53	2,17
RB96524 ⁺	US74-103 ⁺⁺	1,17	1,94	7,63	11,20	25,33	0,57	36,70	4,19	1,12
Co453 ⁺⁺	IAC50/134 ⁺⁺	1,47	1,88	8,98	11,10	25,04	0,62	51,65	5,73	1,43
RB937570 ⁺	B70710 ⁺⁺	1,39	2,07	9,45	10,98	25,15	0,92	82,33	8,96	2,17
MEX68-200 ⁺⁺	RB93509 ⁺	1,36	2,11	9,10	10,97	25,14	0,85	71,96	7,58	1,90
RB946022 ⁺	RB92579 ⁺	1,38	1,90	8,14	10,86	24,89	0,67	47,21	5,36	1,38
RB01623 ⁺	MEX68-200 ⁺⁺	1,20	1,95	6,44	10,75	24,36	0,59	38,46	4,23	1,08
Co453 ⁺⁺	RB0442 ⁺	1,41	1,85	8,95	10,72	25,02	0,53	42,84	4,65	1,19
RB971723 ⁺	C90178 [?]	1,37	2,14	8,13	10,54	25,01	0,70	50,24	5,42	1,36
MÉDIA		1,40	1,78	10,63	12,37	25,13	0,61	56,06	6,93	1,74
VARIÂNCIA		0,01	0,04	3,52	1,36	0,12	0,01	109,70	2,08	0,14
DESVIO-PADRÃO		0,10	0,20	1,90	1,18	0,36	0,11	10,47	0,38	0,38
MÁXIMO		1,58	2,14	14,18	15,85	25,95	0,97	82,33	9,93	2,52
MÍNIMO		1,17	1,37	6,44	10,54	24,36	0,39	36,70	4,19	1,08
CV(%)		7,14	11,00	17,90	9,54	1,43	18,00	18,68	5,48	21,8

^a AC = altura média de colmo (m); DC = diâmetro médio de colmo (cm); NC = número médio de colmo; FIB = teor de fibra (%); LIG = teor de lignina (%); PMC = peso médio de colmo (Kg); TCH = tonelada de cana por hectare; TFH = tonelada de fibra por hectare e TLH = tonelada de lignina por hectare. ⁺Saccharum spp., ⁺⁺Saccharum spontaneum, ⁺⁺⁺Saccharum robustum, [?]genitores desconhecidos.

Para os caracteres principais como tonelada de cana por hectare (TCH), as médias variaram entre 36,7 e 82,33 t ha⁻¹. A produção de lignina (TLH) variou entre 1,07 e 2,51 t ha⁻¹ e a produção de fibra variou de 4,18 a 9,92 t ha⁻¹. As famílias com as maiores produtividades de fibra também foram as de maiores médias para tonelada de lignina por hectare.

Houve grande variação no número médio de colmo por planta (NC) de cada família, assim como para os teores de fibra (FIB), onde as famílias apresentaram mais de 5% de diferenças no FIB. Para o peso médio de colmo (PMC) ocorreram variações de mais de 500 gramas (Tabela 1).

As famílias RB937570 × B70710, RB92579 × IM76-229 e MEX68-200 × RB04823 apresentaram as maiores médias de TCH. Enquanto, as famílias RB867515 × IM76-228 e RB83102 × IM76-229 e novamente a RB92579 × IM76-229 foram as de maiores médias para TFH e TLH (Tabela 1).

As estimativas dos coeficientes de correlação entre TCH e os componentes NC, AC, DC e PMC foram positivas, elevadas e significativas na maioria dos casos ($p < 0,05$) (Tabela 2). Os caracteres de maior correlação com TFH foram TCH, NC, AC, LIG, FIB e PMC, nessa ordem. Enquanto com TLH, os caracteres que apresentaram as maiores correlações foram em ordem decrescente TFH, TCH, NC, AC, LIG, FIB e PMC (Tabela 2).

TABELA 2 – Matriz de correlação genética entre os caracteres avaliados nas 50 famílias de cana energia, Paranaíba, PR, Brasil, 2013.

Caracteres	AC	DC	NC	FIB	LIG	TCH	TFH	TLH
DC	0,001 ^{ns}							
NC	0,502*	-0,665*						
FIB	0,276 ^{ns}	-0,778*	0,757*					
LIG	0,438*	0,017 ^{ns}	0,331*	0,251 ^{ns}				
TCH	0,595*	0,095 ^{ns}	0,457*	0,101 ^{ns}	0,563*			
TFH	0,681*	-0,240 ^{ns}	0,736*	0,500*	0,577*	0,883*		
TLH	0,671*	-0,207 ^{ns}	0,709*	0,488*	0,649*	0,883*	0,988*	
PMC	0,158 ^{ns}	0,720*	-0,388*	-0,573*	0,217 ^{ns}	0,570*	0,220 ^{ns}	0,246 ^{ns}

^{/a} AC = altura média de colmo (m); DC = diâmetro médio de colmo (cm); NC = número médio de colmo; FIB = teor de fibra (%); LIG = teor de lignina (%); TCH = tonelada de cana por hectare, TFH = tonelada de fibra por hectare; TLH = tonelada de lignina por hectare e PMC = peso médio de colmo; * correlação significativa à 5% de probabilidade pelo teste; ^{ns} correlação não significativa à 5% de probabilidade pelo teste t.

As correlações entre TFH e TLH com seus componentes da produção também foram na maioria dos casos, positivas, relativamente elevadas e significativas ($p < 0,05$) (Tabela 2), sugerindo que o aumento em qualquer dos componentes, exceto DC, causaria aumento médio na produtividade de fibra e lignina.

As correlações entre os caracteres TCH, TFH e TLH e os seus componentes da produção (AC, DC, NC, PMC, FIB e LIG) foram de alta magnitude (Tabela 2). Porém, os estudos de correlação não fornecem a importância relativa das variáveis explicativas sobre a variável principal (TCH, TFH e TLH). Por isso, para desdobrar as correlações em efeitos diretos e indiretos foram realizadas as análises de trilha.

A análise do número de condição (N_c) indicou multicolinearidade fraca ($N_c = 21,57$) na matriz de correlação genética entre as variáveis explicativas, demonstrando que as estimativas obtidas são confiáveis (Montgomery e Peck, 1992).

Os coeficientes de trilha explicaram eficientemente as variações em TCH, TFH e TLH, como indicam os altos valores do coeficiente de determinação dos modelos (R^2), bem como os baixos efeitos residuais (\hat{p}_ε), demonstrando a excelente contribuição das variáveis explicativas para a produtividade de cana, fibra e lignina (Tabelas 3, 4 e 5).

TABELA 3 – Efeitos diretos e indiretos obtidos via análise de trilha a partir da correlação genética (r_g) dos componentes de produção diâmetro médio de colmo (DC), número médio de colmo (NC), altura média de colmo (AC) e peso médio de colmo (PMC) sobre tonelada de cana por hectare (TCH).

Caracteres	r_g	Caracteres	r_g
AC (m)		NC	
Efeito sobre TCH	0,1070	Efeito sobre TCH	0,6954
Efeito via DC	0,0000	Efeito via AC	0,0537
Efeito via NC	0,3495	Efeito via DC	0,0486
Efeito via PMC	0,1388	Efeito via PMC	-0,3407
Total	0,5954	Total	0,4571
DC (cm)		PMC (kg)	
Efeito sobre TCH	-0,0730	Efeito sobre TCH	0,8761
Efeito via AC	0,0000	Efeito via AC	0,0170
Efeito via NC	-0,4627	Efeito via DC	-0,0526
Efeito via PMC	0,6311	Efeito via NC	-0,2704
Total	0,0953	Total	0,5700
Coeficiente de Determinação (R^2)	0,8739		
Efeito Residual (\hat{p}_ε)	0,3549		

Embora o PMC tenha apresentado a menor correlação com TFH e TLH, essa variável apresentou o maior efeito direto sobre a produtividade de TCH, TFH e TLH (Tabelas 3, 4 e 5).

TABELA 4 – Efeitos diretos e indiretos obtidos via análise de trilha a partir da correlação genética (r_g) dos componentes de produção diâmetro médio de colmo (DC), número médio de colmo (NC), altura média de colmo (AC), teor de fibra (FIB) e peso médio de colmo (PMC) sobre tonelada de fibra por hectare (TFH).

Caracteres	r_g	Caracteres	r_g
AC (m)		FIB (%)	
Efeito sobre TFH	0,1701	Efeito sobre TFH	0,3041
Efeito via DC	0,0000	Efeito via AC	0,0470
Efeito via NC	0,3244	Efeito via DC	0,0322
Efeito via FIB	0,0840	Efeito via NC	0,4890
Efeito via PMC	0,1027	Efeito via PMC	-0,3719
Total	0,6813	Total	0,5005
DC (cm)		PMC (kg)	
Efeito sobre TFH	-0,0414	Efeito sobre TFH	0,6485
Efeito via AC	0,0001	Efeito via AC	0,0269
Efeito via NC	-0,4293	Efeito via DC	-0,0298
Efeito via FIB	-0,2368	Efeito via NC	-0,2509
Efeito via PMC	0,4672	Efeito via FIB	-0,1743
Total	-0,2403	Total	0,2204
NC			
Efeito sobre TFH	0,6452		
Efeito via AC	0,0855		
Efeito via DC	0,0275		
Efeito via FIB	0,2305		
Efeito via PMC	-0,2522	Coeficiente de Determinação (R^2)	0,8963
Total	0,7366	Efeito Residual (\hat{p}_ϵ)	0,3220

O NC apresentou os maiores efeitos indiretos e o segundo maior efeito direto sobre TCH, TFH e TLH (Tabelas 3, 4 e 5). Silva et al. (2009), Espósito et al. (2012) e Brasileiro et al. (2013) ao avaliarem os componentes da produção NC, AC e DC, também identificaram altos efeitos diretos de NC sobre a produtividade de cana (TCH). Para Kang et al. (1989), Singh et al. (1994) e Sukhchain e Saini (1997) o NC e o PMC são os principais determinantes da produtividade em cana-de-açúcar, sugerindo que a seleção de famílias promissoras pode ser realizada com base nesses dois caracteres.

Os caracteres FIB, LIG, AC e DC apresentaram efeitos diretos inferiores aos efeitos residuais em todas as análises de trilha realizadas (Tabelas 3, 4 e 5). Dentre os caracteres avaliados, os de menor influência sobre as produções de cana, fibra e lignina, foram DC e AC, demonstrando pouca importância desses caracteres no processo de seleção. Por outro lado, PMC e NC apresentaram valores de efeito direto superiores aos efeitos residuais em todas as

análises realizadas, sendo mais uma evidência de que esses caracteres são os principais determinantes das variações em TCH, TFH e TLH.

TABELA 5 – Efeitos diretos e indiretos obtidos via análise de trilha a partir da correlação genética (r_g) dos componentes de produção diâmetro médio de colmo (DC), número médio de colmo (NC), altura média de colmo (AC), teor de fibra (FIB), teor de lignina (LIG) e peso médio de colmo (PMC) sobre tonelada de lignina por hectare (TLH).

Caracteres	r_g	Caracteres	r_g
AC (m)		FIB (%)	
Efeito sobre TLH	0,1231	Efeito sobre TLH	0,2737
Efeito via DC	0,0000	Efeito via AC	0,0340
Efeito via NC	0,2872	Efeito via DC	0,0355
Efeito via FIB	0,0756	Efeito via NC	0,4331
Efeito via LIG	0,0917	Efeito via LIG	0,0527
Efeito via PMC	0,0940	Efeito via PMC	-0,3402
Total	0,6718	Total	0,4889
DC (cm)		LIG (%)	
Efeito sobre TLH	-0,0456	Efeito sobre TLH	0,2095
Efeito via AC	0,0001	Efeito via AC	0,0539
Efeito via NC	-0,3803	Efeito via DC	-0,0008
Efeito via FIB	-0,2131	Efeito via NC	0,1891
Efeito via LIG	0,0037	Efeito via FIB	0,0689
Efeito via PMC	0,4274	Efeito via PMC	0,1291
Total	-0,2079	Total	0,6499
NC		PMC (kg)	
Efeito sobre TLH	0,5714	Efeito sobre TLH	0,5933
Efeito via AC	0,0618	Efeito via AC	0,0195
Efeito via DC	0,0303	Efeito via DC	-0,0328
Efeito via FIB	0,2074	Efeito via NC	-0,2222
Efeito via LIG	0,0693	Efeito via FIB	-0,1569
Efeito via PMC	-0,2307	Efeito via LIG	0,0456
Total	0,7098	Total	0,2464
Coefficiente de determinação (R^2)	0,9140		
Efeito residual (\hat{p}_ϵ)	0,2931		

Os melhoristas, desde o princípio, vêm explorando exaustivamente o elevado potencial de rendimento de sacarose na cana-de-açúcar por meio dos programas de melhoramento genético. Com as dificuldades encontradas nos últimos anos na obtenção de ganhos genéticos para essa característica (Lingle et al., 2010; Dal-Bianco et al., 2012), e com a crescente demanda mundial por energias renováveis, uma alternativa ao setor sucroenergético seria o desenvolvimento de cultivares com maior capacidade de produção de biomassa e com

maiores teores de fibra. Essas novas cultivares poderão incrementar significativamente a cogeração de energia, assim como permitir um melhor aproveitamento da celulose e hemicelulose, tanto na produção de etanol de segunda geração como na produção de bio-óleo e outros produtos a partir da pirólise da biomassa.

Segundo Tew e Cobill (2008), a cana-de-açúcar atualmente cultivada apresenta aproximadamente 12% de fibra, 13% de açúcar e 75% de água. Conforme os mesmos autores, o melhoramento genético para a obtenção de cana energia deve ter como meta desenvolver cultivares com 30% de fibra, 5% de açúcar e 65% de água. Deve-se considerar que o caminho a ser percorrido para a obtenção de genótipos com essas características é relativamente longo. Além disso, considerando que as usinas ainda não estão preparadas para processar cana-de-açúcar com teores de fibra superiores a 20%, o desenvolvimento de cultivares com teores de fibra em torno de 17% e que mantenham aproximadamente 13% de açúcar atenderiam às necessidades atuais do setor sucroenergético, pois aumentaria a capacidade de produção de biomassa ao incrementar o percentual de fibra, sem causar perdas na produtividade de açúcar.

Os cruzamentos entre *Saccharum* spp. × *Saccharum spontaneum* e *Saccharum* spp. × *Saccharum robustum* podem ser explorados, visando incrementar os teores de fibra presente nas futuras cultivares (Ming et al., 2006; Loureiro et al., 2011). Porém, os esforços após as hibridações devem ser concentrados na seleção de famílias que apresentam maior produção de biomassa (TCH), ou seja, famílias com maior número médio de colmo (NC) e peso médio de colmo (PMC).

A partir da análise de trilha também foi possível demonstrar que o aumento na produção de lignina, assim como para outros componentes da fibra, como celulose e hemicelulose, ocorrem, principalmente devido ao maior acúmulo de biomassa em consequência da capacidade de perfilhamento e do peso médio de colmo (Tabela 5). Sendo assim, a seleção de genótipos com maiores teores de fibra não apresentará ganhos em biomassa caso as novas cultivares não apresentem médias elevadas para tonelada de cana por hectare (TCH). Também é possível concluir que a maior produção de lignina ocorre em consequência da maior produtividade de biomassa e não do maior teor de lignina presente nas fibras das cultivares.

Para a produção de etanol celulósico, cultivares contendo níveis relativamente elevados de celulose seriam preferíveis em detrimento daquelas com alto teor de lignina. No entanto, a lignina é extremamente importante na cogeração de eletricidade, devido ao seu maior poder calorífico. A lignina também é um componente fundamental para estrutura e

arquitetura da planta, evitando o tombamento das plantas na lavoura, o que facilita o processo de colheita e dificulta o ataque de pragas e doenças (Tew e Cobill, 2008). Portanto, os benefícios da lignina devem ser levados em consideração pelos programas de melhoramento durante o desenvolvimento de cultivares cana energia. No momento, uma menor atenção pode ser dispensada aos teores de lignina presente na fibra das cultivares cana energia a serem desenvolvidas para atender as demandas atuais do setor sucroenergético.

A avaliação e seleção das melhores famílias de cana energia podem ser realizadas com base no número médio de colmo (NC), associado ao peso médio de colmo (PMC), pois é possível selecionar as famílias de forma eficiente, com base na estimativa da tonelada de cana por hectare (TCH_e), onde: $TCH_e = \frac{[(NC \times PMC) \times 10]}{AP}$. Em seguida, deve ser realizada a seleção

individual dentro das melhores famílias, conforme recomendado por Simmonds (1996), Kimbeng e Cox (2003), Resende e Barbosa (2006) e Stringer et al. (2011). Essa prática pode levar a uma diminuição de tempo e custos nos processos de avaliação e seleção entre e dentro de famílias, pois não será necessário realizar a pesagem de todo o experimento, o que possibilita acelerar o estágio de segunda folha (cana soca) com o corte dos seedlings seis meses após o plantio. Durante o estágio de cana soca, pode ser realizada a avaliação das famílias a partir de uma amostra composta por somente um colmo de cada planta da parcela, seguido da seleção individual dentro das melhores famílias, uma vez que não será realizada a colheita total das parcelas. Essa estratégia permite a diminuição do tempo sem perder a eficiência na seleção das melhores famílias, seguido da seleção dos melhores genótipos durante a fase inicial de seleção (fase T1).

Para avaliar a eficiência da predição das melhores famílias a partir do TCH_e, foi utilizado a técnica de regressão linear. Valores idênticos do TCH_e e TCH estariam sobre a reta de 45° tracejada no gráfico (Reta passando pela origem) (Figura 2).

O coeficiente de determinação do modelo de regressão apresentou um valor moderado ($R^2 = 0,71$) e o coeficiente de regressão ($H_0: \beta_1 = 1$) não apresentou efeito significativo, indicando uma boa concordância entre o TCH_e e o TCH (Figura 2).

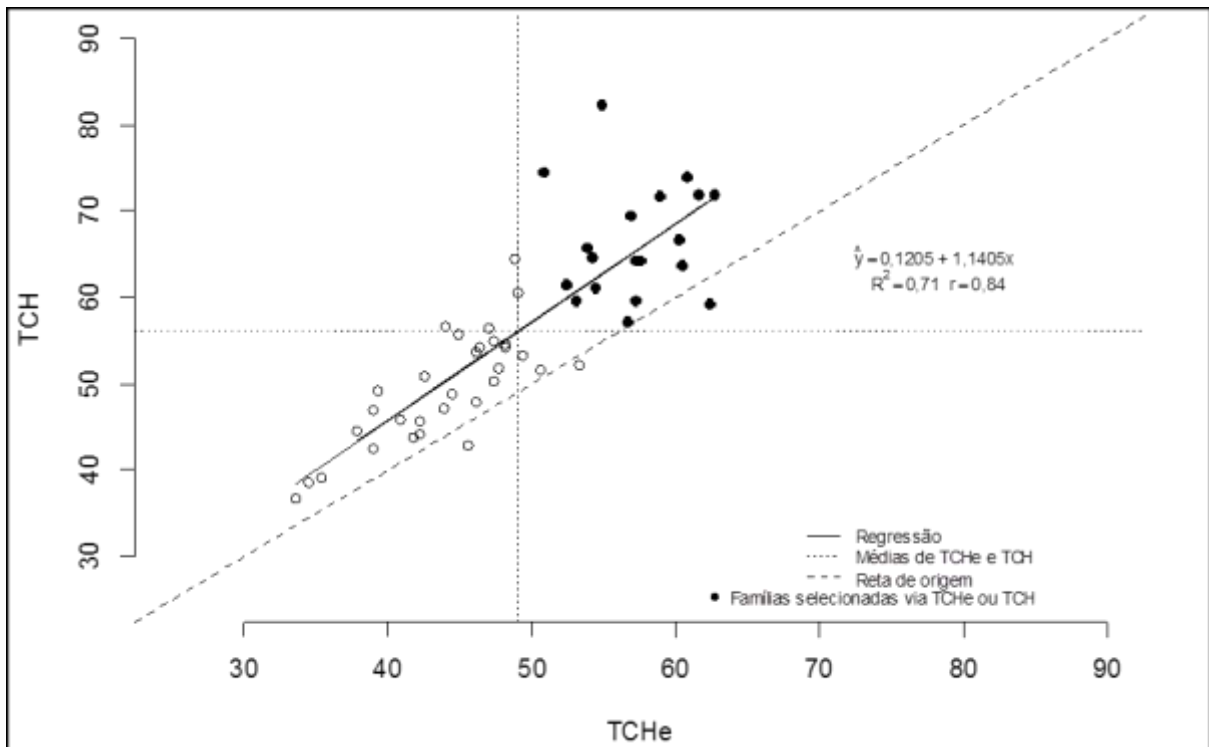


FIGURA 2 – Plotagem das médias genótípicas de 50 famílias para tonelada de cana por hectare real (TCH) em razão da tonelada de cana por hectare estimada (TCHe). R^2 = coeficiente de determinação, r = correlação entre TCH e TCHe.

As médias das famílias obtidas via TCHe foram ligeiramente subestimadas, com uma diferença (viés) de 7 toneladas entre a média geral obtida com a pesagem de toda a parcela (TCH) e a média estimada via NC e PMC (TCHe). Porém, para os dados em questão essa diferença não foi significativa ($H_0: \beta_0 = 0$, P-valor = 0,98).

Embora tenham ocorrido alterações no ordenamento das famílias quando a fenotipagem foi realizada a partir do TCHe, a correlação entre o TCH e o TCHe foi elevada ($r = 0,84$), indicando que as médias de produtividade das famílias podem ser estimadas com uma boa precisão a partir do TCHe.

A seleção das famílias com médias de produtividade acima da média geral, independente da forma como o TCH é obtido, garante uma alta taxa de acerto (Figura 2), embora a seleção de poucas famílias via TCHe possa eliminar combinações híbridas promissoras em consequência das alterações no ordenamento.

Ao realizar a seleção das famílias de efeitos genotípicos positivos para TCH, somente 4 não foram selecionadas via TCHe, isso aconteceu em decorrência de diferenças na subestimação da produtividade das famílias avaliadas. Outras 3 famílias de efeitos genotípicos

negativos tiveram suas médias superestimadas via TCHe e foram erroneamente selecionadas (Figura 2).

Com a seleção das 15 melhores famílias (30% das famílias) via tonelada de cana por hectare (TCH), somente os cruzamentos RB01649 × IN84-58, RB93509 × KRAKATAU, IM76-228 × RB867515 e RB867515 × US85-1008, que estão entre as famílias de maiores médias para TFH não seriam selecionadas. Caso a seleção seja praticada via PMC e NC (TCHe), além dessas famílias, também ficaria de fora o cruzamento RB72910 × Co285.

Caso sejam selecionadas as famílias com as médias acima da média geral dos experimentos para TCH ou TCHe, respectivamente, 3 ou 4 famílias dentre as 25 melhores para TFH não seriam selecionadas. Mesmo com as discordâncias ao praticar a seleção de 15 a 25 famílias de maiores TCH ou TCHe, excluiria poucas famílias com médias elevadas para TFH, conforme pode ser observado na Figura 3.

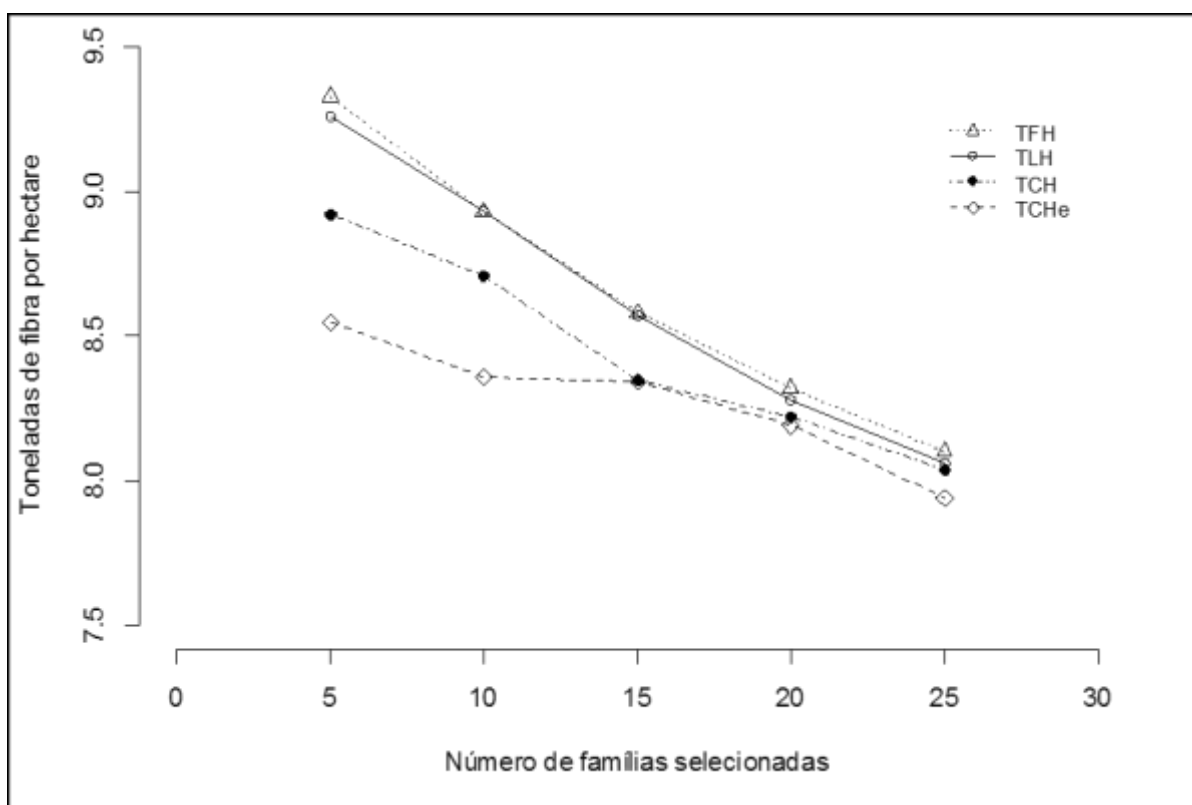


FIGURA 3 – Médias da população selecionada para produtividade de fibra em função do número de famílias selecionadas e da característica (TFH, TLH, TCH e TCHe) usada na tomada de decisão. TFH = tonelada de fibra por hectare e TLH = tonelada de lignina por hectare, TCH = tonelada de cana por hectare real e TCHe = tonelada de cana por hectare estimada.

Existe uma alta coincidência entre as melhores famílias para TCH ou TCHe com TFH quando são selecionados entre 50 e 40% das famílias de maior produtividade de cana-de-açúcar (Figura 3). Essas são as percentagens de seleção de famílias usualmente praticadas nos programas de melhoramento genético do Brasil (Resende e Barbosa, 2006) e Austrália (Stringer et al., 2011). A seleção de 30% das famílias também pode ser praticada tendo em vista que as médias de TFH da população selecionada via TCH ou TCHe seriam pouco afetadas e não comprometeriam os ganhos genéticos para maior produção de fibra (Figura 3).

Quando o objetivo é a seleção de um menor número de famílias ($\leq 20\%$), a seleção via TCH ou TCHe pode excluir um maior percentual de cruzamentos promissores para produção de fibra (Figura 3), porém com a vantagem de permitir a fácil e rápida avaliação de um grande número de famílias.

No caso específico da seleção via NC e PMC (TCHe), onde não é necessário a pesagem de toda a parcela, a seleção entre e dentro de famílias pode ser realizada no estádio de cana soca, 18 meses após o plantio, com o corte dos experimentos seis meses após o plantio, ou até mesmo realizando a seleção entre e dentro de famílias no final do ciclo da cana planta, 12 meses após a implantação da fase T1.

Como os programas de melhoramento têm usualmente selecionado entre 40 e 50% das famílias avaliadas e levando em consideração que o PMC e o NC são os principais determinantes das alterações nos caracteres de produtividade (TCH, TFH e TLH), os esforços para gerar informações quanto ao teor e a qualidade da fibra, devem ser reservados para a avaliação e seleção individual dentro das famílias de maiores médias para tonelada de cana por hectare (TCH ou TCHe) e/ou durante a seleção clonal a ser realizada a partir da segunda fase de teste (fase T2).

4 CONCLUSÃO

A seleção das melhores famílias de cana energia deve ser realizada com base na tonelada de cana por hectare (TCH), que pode ser estimada (TCHe) via número médio de colmo (NC) e peso médio de colmo (PMC), pois esses dois caracteres são os principais responsáveis pela determinação da produtividade de cana (TCH), fibra (TFH) e lignina (TLH).

REFERÊNCIAS

- BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Breeding and Cultivar Recommendations. In: Santos, F.; Borém, A. e Caldas, C. Editores. **Sugarcane: Bioenergy, Sugar and Ethanol - Tecnology and Prospects**. Viçosa, MG – Suprema, 2012, cap.11, p.313-332.
- BRASILEIRO, B.P.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Consistency of the results of path analysis among sugarcane experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.13, p.113-119, 2013.
- CAPAZ, R.S.; CARVALHO, V.S.B.; NOGUEIRA, L.A.H. Impact of mechanization and previous burning reduction on GHG emissions of sugarcane harvesting operations in Brazil. **Applied Energy**, v.102, p.220-228, 2013.
- CARDONA, C.A.; QUINTERO, J.A.; PAZ, I.C. Production of bioethanol from sugarcane bagasse: status and perspectives. **Bioresource Technology**, v.101, p.4754-4766, 2010.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Central de informações agropecuárias: safras – cana (2014)** (<http://www.conab.gov.br>). Acesso em novembro de 2014.
- DAL-BIANCO, M.; CARNEIRO, M.S.; HOTTA, C.T.; CHAPOLA, R.G.; HOFFMANN, H.P.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, G.M. Sugarcane improvement: how far can we go?. **Current Opinion in Biotechnology**, v.23, p.265-270, 2012.
- DIAS, M.O.S.; JUNQUEIRA, T.L.; CAVALETT, O.; CUNHA, M.P.; JESUS, C.D.F.; MANTELATTO, P.E.; ROSSELL, C.E.V.; MACIEL FILHO, R.; BONOMI, A. Cogeneration in integrated first and second generation ethanol from sugarcane. **Chemical Engineering Research and Design**, v.91, p.1411-1417, 2013.
- ESPÓSITO, D.P.; PETERNELLI, L.A.; PAULA, T.O.M.; BARBOSA, M.H.P. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v.42, p.38-44, 2012.
- HOFSETZ, K.; SILVA, M.A. Brazilian sugarcane bagasse: Energy and non-energy consumption. **Biomass and Bioenergy**, v.46, p.564-573, 2012.
- ITAIPU, Hidrelétrica Binacional de Itaipu – **Produção ano a ano (2014)**. (<http://www.itaipu.gov.br/energia/producao-ano-ano>). Acesso em fevereiro de 2014.
- KANG, M.S.; SOSA, O.; MILLER, J.D. Path analysis for percent fibre, cane and sugar yield in sugarcane. **Crop Science**, v.29, p.1481-1483, 1989.
- 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.

LINGLE, S.E.; JOHNSON, R.M.; TEW, T.L.; VIATOR, R.P. Changes in juice quality and sugarcane yield with recurrent selection for sucrose. **Field Crops Research**, v.118, p.152-157, 2010.

LOUREIRO, M.E.; BARBOSA, M.H.P.; LOPES, F.J.F.; SILVÉRIO, F.O. Sugarcane Breeding and Selection for more Efficient Biomass Conversion in Cellulosic Ethanol. In: BUCKERIDGE, M.S.; GOLDMAN, G.H. **Routes to Cellulosic Ethanol**. New York, Springer, 2011, cap.13, p.199-239.

MING, R.; MOORE, P.H.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C.; TEW, T.L.; MIRKOV, T.E.; DA SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHELL, R.J.; BRUMBLEY, S.M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J.C.; PATERSON, A.H. Sugarcane Improvement through Breeding and Biotechnology. In: JANICK, J. **Plant breeding reviews**. New York, John Wiley & Sons, 2006, cap.2, p.15-118.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analyses**. John Wiley & Sons: New York, 504p, 1981.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2014) **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

RABELO, S.C.; CARRERE, H.; MACIEL FILHO, R.; COSTA, A.C. Production of bioethanol, methane and heat from sugarcane bagasse in a biorefinery concept. **Bioresource Technology**, v.102, p.7887-7895, 2011.

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

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

SEABRA, J.E.A.; TAO, L.; CHUM, H.L.; MACEDO, I.C. A techno-economic evaluation of the effects of centralized cellulosic ethanol and co-products refinery options with sugarcane mill clustering. **Biomass and Bioenergy**, v.34, p.1065-1078, 2010.

SILVA, F.L.; PEDROZO, C.A.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; COSTA, P.M.A.; VIEIRA, M.S. Análise de trilha para os componentes de produção de cana-de-açúcar via blup. **Ceres**, v.56, p.308-314, 2009.

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

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

SINGH, B.; SINGH, S.; PAL, R. Direct and indirect effects of characters affecting cane yield of five sugarcane crosses. **Crop Research**, v.8, p.302-304, 1994.

STRINGER, J.K.; COX, M.C.; ATKIN, F.C.; WEI, X.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Sugar Tech**, v.13, p.36-41, 2011.

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

TEW, T. L.; COBILL, R. M. Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum* spp.) as an Energy Crop. *In*: VERMERRIS, W. **Genetic Improvement of Bioenergy Crops**. Springer, New York, 2008. cap. 9, p. 273-294.

TYAGI, A.P.; LAL, P. Correlation and path coefficient analysis in sugarcane. **The South Pacific Journal of Natural Science**, v.25, 1-9, 2007.

CAPÍTULO III

SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR PARA OBTENÇÃO DE CULTIVARES CANA ENERGIA

RESUMO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma das culturas agrônômicas de maior eficiência na produção de biomassa. Para explorar ainda mais o potencial energético dessa cultura, o programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) vem realizando hibridações entre diferentes espécies de *Saccharum*, visando o desenvolvimento de clones com teor de fibra acima de 17% e com os atuais 13% de sacarose presente nas cultivares disponíveis para o plantio comercial. Para tanto, torna-se essencial selecionar as melhores combinações híbridas e os melhores clones nas populações segregantes. O objetivo deste trabalho foi identificar os melhores genitores para utilizar em cruzamentos e as melhores famílias para obtenção de clones. Foram avaliadas 50 famílias de irmãos completos no delineamento em blocos completos, com 5 repetições. Os genitores com os melhores desempenhos foram RB867515, RB93509, KRAKATAU, IM76-228, IM76-229 e US85-1008. Os valores de herdabilidade (0,59 a 0,85) e acurácia (0,76 a 0,92) para os caracteres tonelada de cana por hectare (TCH), teor de fibra (FIB) e o pol percento cana, ou teor de sacarose aparente (PC) indicam alta correlação entre as médias genotípicas preditas e os verdadeiros valores, permitindo a eficiente seleção das melhores famílias de cana energia. Diante da ampla variabilidade genética detectada e da presença de clones promissores na população segregante pode-se inferir na possibilidade de utilização de alguns indivíduos em novos cruzamentos e até mesmo em futuros plantios comerciais. Foi possível identificar os melhores genitores envolvidos nos cruzamentos avaliados, além de selecionar indivíduos com elevado teor de fibra associado a um bom teor de sacarose, indivíduos com elevado teor de fibra e baixo teor de sacarose, assim como indivíduos que apresentam os mesmos teores de fibra e sacarose das cultivares atuais. A cada ciclo de recombinação intrapopulacional novos cruzamentos devem ser realizados com os melhores genitores descendentes de *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum* com descendentes de *Saccharum* spp. de forma a explorar novas combinações híbridas que podem proporcionar o desenvolvimento de cultivares mais rústicas e que atendem as demandas atuais e futuras do setor sucroenergético.

Palavras-chave: *Saccharum*, Bioenergia, Melhoramento genético

SELECTION IN SUGARCANE FOR OBTAINING ENERGY CANE CULTIVARS

ABSTRACT

The sugarcane (*Saccharum* spp.) Is one of the agronomic crops with higher efficiency in biomass production. To further explore the potential energy of this culture, the breeding program of the Inter-University Network for the Development of Sugarcane Industry (RIDESA) has been performing hybridizations between different species of *Saccharum*, aiming to develop clones with fiber content above 17% and with the current 13% of sucrose present in cultivars available for commercial planting. To do so, it becomes essential to select the best hybrids and the best clones in segregating populations. The objective of this study was to identify the best parents to use for future crossings and the best families to obtain clones. For this study, 50 full-sib families were evaluated. The parents with the best performances were RB867515, RB93509, KRAKATAU, IM76-228, IM76-229 and US85-1008. The heritability values (0.59 and 0.85) and accuracy (0.76 to 0.92) for the characters ton of cane per hectare (TCH), fiber content (FIB) and the sucrose content (PC) indicate a high correlation between the predicted genotypic means and the true values, allowing efficient selection of the best families of sugarcane energy. Given the wide genetic diversity observed and the presence of promising clones in segregating population can infer the possibility of using some individuals in new crosses and even in future commercial plantations. It was possible to identify the best parents involved in the crosses evaluated, in addition to selecting individuals with high fiber content associated with a good level of sucrose, individuals with high fiber content and low sucrose, as well as individuals who have the same fiber content and sucrose current cultivars. Each cycle of recombination intrapopulacional new crossings between RB's descendants *Saccharum* spp., Should be performed with the best parents descendants of populations of *Saccharum spontaneum* and *Saccharum robustum*, in order to explore new hybrid combinations that can enable the development of more hardy cultivars and that meet current and future demands of the sugarcane industry.

Keywords: *Saccharum*, Bioenergy, Crop breeding

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma das culturas agrícolas mais eficientes na conversão de energia solar em energia química (Tew e Cobill, 2008). Os melhoristas, desde o princípio, vêm explorando exaustivamente o seu elevado potencial de rendimento de sacarose por meio dos programas de melhoramento genético.

Com a viabilidade do uso da palha e do bagaço na produção de etanol (etanol segunda geração) e/ou aumentar a produção de energia elétrica (termoeletricidade), principalmente em função do elevado rendimento de biomassa e do baixo custo de produção (Cardona et al., 2010; Dias et al., 2013), a cana-de-açúcar passou a ser uma das principais opções para o setor energético. A maior competitividade se deve principalmente em função da técnica de cultivo já ser dominada, do parque industrial já estar montado e do considerável número de usinas distribuídas nas diferentes regiões do Brasil produzindo energia elétrica a partir dos resíduos (Dias et al., 2013).

Nos últimos anos, os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar deram maior ênfase ao desenvolvimento de cultivares com maior rendimento de sacarose para a produção de açúcar e etanol (Dal-Bianco et al., 2012). A demanda atual por maior quantidade de biomassa para produção de etanol de segunda geração e de energia elétrica faz com que novas linhas de pesquisa sejam iniciadas visando o desenvolvimento de cultivares com maior teor de fibra, denominadas cana energia (Loureiro et al., 2011).

Contudo, como as vias metabólicas para a síntese de sacarose e fibra são antagônicas (Ming et al., 2006), o desenvolvimento de cultivares cana energia deve envolver cruzamentos entre genótipos de *Saccharum spontaneum* e *Saccharum officinarum*. Isso porque a espécie *S. spontaneum* apresenta maior teor de fibra se comparado com as demais espécies do gênero *Saccharum*. Entretanto, a sua produtividade de sacarose é baixa (Tew e Cobill, 2008). Por outro lado, as cultivares atuais (*Saccharum* spp.) apresentam elevado teor de sacarose e médio teor de fibra. Assim, uma combinação entre *Saccharum* spp. e *Saccharum spontaneum* parece ser ideal para o desenvolvimento de cultivares de cana energia.

Após as hibridações envolvendo genitores para a obtenção da cana energia é necessário a avaliação das famílias e, em seguida, realizar a seleção individual dentro das melhores famílias, pois a seleção praticada dentro das famílias com valores genotípicos elevados aumenta a probabilidade de encontrar clones superiores nas progênies (Barbosa et al., 2005). Com base nesta premissa é que vários programas de melhoramento genético da

cana-de-açúcar têm praticado rotineiramente a seleção de famílias antes da obtenção dos clones (Kimbeng e Cox, 2003; Stringer et al., 2011; Barbosa et al., 2012).

Recentemente, a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), iniciou um programa de hibridação envolvendo acessos de *S. spontaneum*, *S. robustum*, as cultivares da República Brasil (RB) e cultivares de outros programas brasileiros de melhoramento, visando o desenvolvimento de clones que apresentam teor de fibra acima de 17% e com os atuais 13% de sacarose das cultivares disponíveis para o cultivo comercial.

Como forma de contribuir para o programa de hibridação e obtenção de cultivares cana energia, o objetivo desse trabalho foi identificar os melhores genitores para futuros cruzamentos, as melhores famílias para seleção de indivíduos e os melhores indivíduos a serem avançados para as fases seguintes do programa de melhoramento genético da RIDESA.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS

Foram avaliadas 50 famílias de irmãos completos provenientes de cruzamentos realizados no ano de 2012, na Estação Experimental da Serra do Ouro, da Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, AL, Brasil, com latitude 9°13' S; longitude 35°50' W; altitude 450 m. As cariopses originadas dos cruzamentos biparentais, após beneficiamento, foram enviadas para a Estação Experimental de Paranaíba, da Universidade Federal do Paraná, no município de Paranaíba, Paraná, Brasil, com latitude de 23°05'S; longitude de 52°27'W; altitude de 503m; solo LVD, onde foi realizado o semeio. Em outubro de 2012, após a obtenção das plântulas, o experimento foi plantado no delineamento em blocos casualizados, com cinco repetições. Cada parcela foi constituída de 20 plantas, distribuídas em dois sulcos de 8m de comprimento, espaçados entre em 1,40m. Os dados de cana-soca foram coletados em julho de 2014, onze meses após o primeiro corte.

Os caracteres avaliados nas famílias em nível de parcela foram: número médio de colmo por planta (NC); peso médio de colmo (PMC) estimado com a pesagem de 20 colmos por parcela; teor de fibra em percentagem (FIB) e o pol percento cana, ou teor de sacarose aparente (PC). Os teores de fibra e pol percento cana foram obtidos a partir das análises tecnológicas realizadas em amostras de 500g obtidas com a moagem de 10 canas de duas repetições por família. Com isso, foi possível obter a tonelada de cana por hectare com palha

(TCH) $TCH = (NC \times PMC \times 10) / AP$, em que AP é área ocupada por cada planta da parcela em m² (AP=1,12) e 10 é a constante usada para conversão do peso da parcela em toneladas por hectare.

A partir das médias do teor de fibra (FIB), pol percento cana (PC) e da tonelada de cana por hectare obtida em duas repetições do experimento (TCH.2r), foi possível estimar a tonelada de fibra por hectare (TFH): $TFH = (TCH \times FIB) / 100$ e a tonelada de sacarose por hectare (TSH): $TSH = (TCH \times PC) / 100$.

Para a análise dos dados de TCH, TCH.2r, FIB, PC, TFH e TSH, foi usado o seguinte modelo estatístico: $\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{e}$, em que: \mathbf{y} = vetor de dados ($\mathbf{y} \sim \mathbf{N}(\mathbf{Xr}, \mathbf{V})$); \mathbf{r} é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) e somados a média geral; \mathbf{g} é o vetor dos efeitos genotípicos, $\mathbf{g} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{G})$, \mathbf{G} = matriz de covariância genética dos genótipos ($\mathbf{G} = \mathbf{I}\sigma_g^2$); \mathbf{e} é o vetor de erros, onde: $\mathbf{e} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{R})$, \mathbf{R} = matriz de covariância residual ($\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$). \mathbf{X} e \mathbf{Z} são as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os componentes de variância σ_g^2 e σ_e^2 correspondem, respectivamente, à variância genotípica e à variância residual. As análises de modelos mistos REML/BLUP foram realizadas por meio do *software* SELEGEN (Resende 2007).

2.2 SELEÇÃO E AVALIAÇÃO DE CLONES

Foi realizada a seleção das 10 melhores famílias para os principais caracteres de produtividade em cana-de-açúcar: TCH, TFH e TSH. Dentro de cada família, o objetivo foi selecionar ao menos 10% dos indivíduos, ou seja, 10 clones em cada família.

Foram realizadas análises tecnológicas nos clones selecionados, possibilitando a estimativa dos caracteres pureza em percentagem (PUR), pol percento cana (PC), teor de fibra em percentagem (FIB) e açúcares totais recuperáveis em kg de açúcar por tonelada de cana moída (ATR).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os parâmetros genéticos e ambientais estimados pelo método REML/BLUP na avaliação das 50 famílias de irmãos completos são apresentados na Tabela 1.

O efeito significativo da variância genotípica é um indicativo da existência de variabilidade genética nas famílias avaliadas e reforça a possibilidade de ganhos genéticos (Tabela 1).

TABELA 1 – Parâmetros genéticos e ambientais estimados em 50 famílias de irmãos completos (FIC) de cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR).

Parâmetros ^ε	Caracteres					
	FIB	PC	TCH	TCH.2r	TFH	TSH
$\hat{\sigma}_g^2$	1,83*	4,99*	431,33*	190,39*	10,41*	1,80*
h_{mf}^2	0,85	0,84	0,59	0,16	0,38	0,10
Acurácia	0,92	0,91	0,76	0,40	0,62	0,32
r	2	2	5	2	2	2
CV(%)	5,95	12,00	31,86	32,74	33,30	36,72
Média geral	12,99	11,35	121,43	132,72	17,33	14,85

^ε $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; h_{mf}^2 : herdabilidade para média de famílias; r = número de repetições; CV(%): coeficiente de variação experimental; * significativo a 5% de probabilidade de acordo com a análise de Deviance; FIB = teor de fibra (%); PC = pol percento cana (%); TCH = tonelada de cana por hectare; TCH.2r = tonelada de cana por hectare estimada com apenas duas repetições do experimento; TFH = tonelada de fibra por hectare e TSH = tonelada de sacarose por hectare.

A herdabilidade média de família no sentido amplo (h_{mf}^2) foi elevada para os caracteres FIB, PC e TCH com 5 repetições, permitindo selecionar as melhores famílias com uma acurácia acima de 76%, indicando uma alta correlação entre as médias genotípicas preditas e os verdadeiros valores das famílias avaliadas, o que possibilita a obtenção de ganhos genéticos com a seleção das melhores famílias (Tabela 1). Zeni-Neto et al. (2013) estimaram valores de herdabilidade para TCH similares aos obtidos nesse trabalho. Zhou et al. (2012) também encontraram valores similares aos obtidos nesse trabalho para as herdabilidades dos caracteres FIB e PC.

A h_{mf}^2 foi baixa para TFH e TSH em função do menor número de repetições usadas nas estimativas das médias desses caracteres (Tabela 1). Com apenas duas repetições ocorre uma grande redução na herdabilidade e consequentemente, na acurácia em estimar as médias genotípicas do caracter tonelada de cana por hectare (TCH.2r). Como as análises tecnológicas foram realizadas em apenas duas repetições, somente os dados de TCH das mesmas parcelas puderam ser usados nas estimativas dos parâmetros genéticos de TFH e TSH, e foi exatamente isso que colaborou para as baixas herdabilidades desses caracteres, conforme

pode ser verificado na Tabela 1. Entretanto, com apenas duas repetições foi possível obter acurácias acima de 90% nas estimativas das médias genótípicas de FIB e PC, indicando que esses caracteres sofrem pouca influência dos efeitos ambientais.

Os coeficientes de variação (CV%) demonstram uma boa precisão experimental na avaliação dos caracteres (Tabela 1). A variância genotípica apresentou efeito significativo de acordo com a análise de Deviance, indicando a presença de variabilidade genética entre as famílias avaliadas (Tabela 1).

Como as herdabilidades para FIB, PC e TCH com 5 repetições foram superiores as herdabilidades de tonelada de fibra por hectare (TFH) e tonelada de sacarose por hectare (TSH) (Tabela 1), foi realizado o ordenamento das famílias para os caracteres TFH e TSH a partir das médias genótípicas de FIB e PC, juntamente com a média genotípica de TCH obtido a partir das 5 repetições do experimento.

Após o ordenamento das famílias, foram selecionadas as 10 melhores para TCH, TFH e TSH, seguido da seleção de 3 a 17% dos genótipos presentes nas melhores famílias, totalizando 199 indivíduos selecionados em 22 famílias (Tabela 2).

TABELA 2 – Médias genótípicas dos caracteres pol percento cana (PC), teor de fibra (FIB), tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de fibra por hectare (TFH), tonelada de sacarose por hectare (TSH) e número de genótipos selecionados (n_k) nas 22 melhores famílias.

Família	Pedigree		Caracteres					n_k
	Mãe	Pai	PC(%)	FIB(%)	TCH	TFH	TSH	
1	RB011941 ⁺⁺	US85-1008 ⁺⁺	12,37	12,54	125,75	15,77	15,56	10
3	B70710 ⁺⁺	RB72910 ⁺	8,87	12,45	142,34	17,72	12,62	4
5	Co62175 ⁺⁺	IANE48-21 ⁺⁺	12,41	11,04	124,56	13,75	15,46	9
6	IAC87-3396 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	12,94	13,43	133,14	17,88	17,23	5
10	B70710 ⁺⁺	RB93509 ⁺	8,75	11,85	139,96	16,58	12,25	11
11	RB83102 ⁺	IM76-229 ⁺⁺⁺	8,69	14,00	148,96	20,86	12,94	7
13	Co617 ⁺⁺	KRAKATAU ⁺⁺	6,97	15,07	131,73	19,85	9,18	8
16	RB01649 ⁺	IN84-58 ⁺⁺	9,23	16,04	115,62	18,55	10,68	9
22	RB867515 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	11,69	13,66	139,8	19,09	16,34	10
24	RB92579 ⁺	IM76-229 ⁺⁺⁺	9,47	14,24	142,04	20,22	13,45	9
27	RB93509 ⁺	Co285 ⁺⁺	11,77	12,63	128,57	16,24	15,14	17
30	CTC5 ⁺	US85-1008 ⁺⁺	13,23	13,28	121,54	16,15	16,08	3
34	RB93509 ⁺	KRAKATAU ⁺⁺	7,13	15,15	148,17	22,45	10,56	8
36	IM76-228 ⁺⁺⁺	RB867515 ⁺	9,38	14,53	158,03	22,96	14,83	10
39	Co453 ⁺⁺	IAC50/134 ⁺	14,38	12,16	105,59	12,84	15,18	8
40	IM76-228 ⁺⁺⁺	US85-1008 ⁺⁺	9,38	14,65	133,35	19,54	12,51	8
41	F150 ⁺⁺	IN84-68 ⁺⁺	9,46	15,39	122,45	18,84	11,59	8
43	RB867515 ⁺	US76-14 [?]	12,31	12,97	141,77	18,39	17,45	10
44	RB93509 ⁺	B70710 ⁺⁺	10,64	11,53	139,21	16,05	14,81	17
45	CTC9 ⁺	UM69/001 [?]	13,03	12,34	133,4	16,46	17,38	8
46	RB867515 ⁺	IM76-228 ⁺⁺⁺	9,11	14,38	158,76	22,82	14,46	10
48	RB946022 ⁺	RB92579 ⁺	14,48	11,85	119,67	14,19	17,33	10
Média			10,71	13,41	134,29	18,08	14,22	Total 199

⁺*Saccharum spp.*, ⁺⁺*Saccharum spontaneum*, ⁺⁺⁺*Saccharum robustum*, [?] genitores desconhecidos.

Com a exploração das famílias superiores é possível que um maior número de clones com alto potencial produtivo avance para as etapas seguintes dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar (Barbosa et al., 2005). Portanto, a identificação de genitores e cruzamentos promissores é fundamental para acelerar os ganhos genéticos e aumentar a probabilidade de identificação e seleção dos genótipos transgressivos.

As famílias com as maiores médias para tonelada de fibra por hectare (TFH) foram a 36 (IM76-228 × RB867515) e a 46 (RB867515 × IM76-228). Essas famílias foram destaque por apresentarem um elevado teor de fibra (>14%) associado a uma elevada produtividade de biomassa, pois também foram as famílias com as maiores médias para tonelada de cana por hectare (TCH), conforme pode ser verificado na Tabela 2 e na Figura 1.

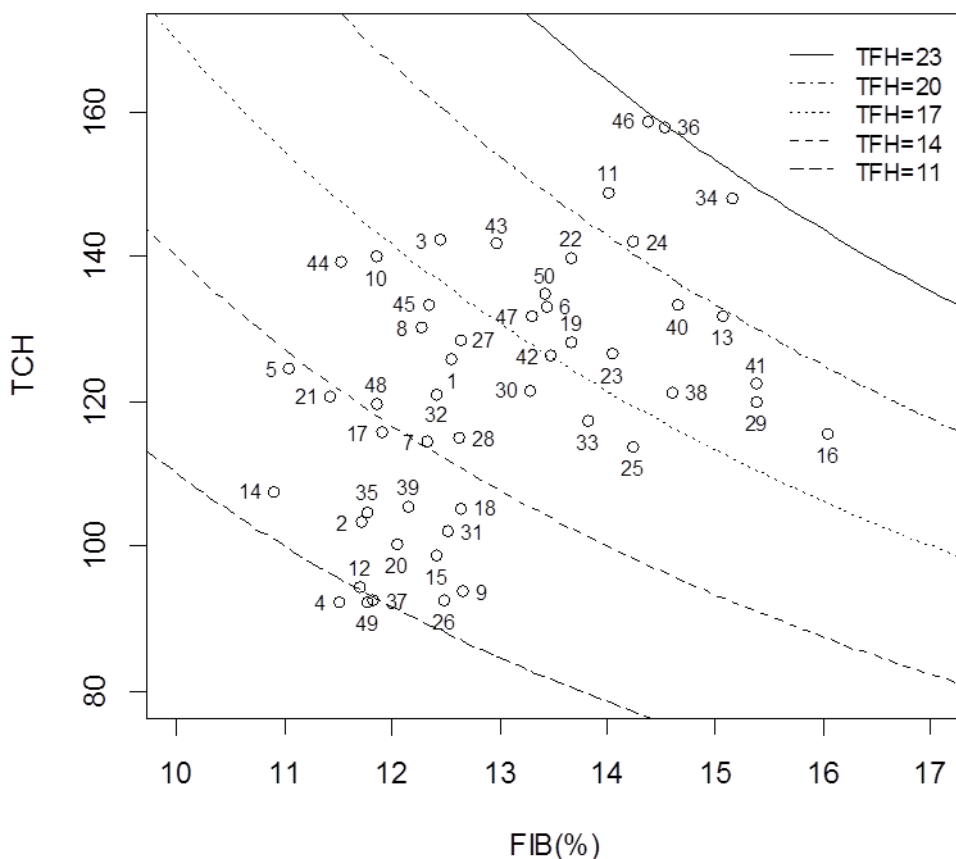


FIGURA 1 – Isoquantas da tonelada de fibra por hectare (TFH) obtido com as médias genótípicas do teor de fibra (FIB) e da tonelada de cana por hectare (TCH) das 50 famílias de cana energia.

As famílias 36 e 46 são os cruzamentos recíprocos entre IM76-228 e RB867515, demonstrando o potencial da combinação entre esses dois genitores na obtenção de cultivares cana energia, uma vez que seus descendentes apresentam o vigor e a produtividade da RB867515, cultivar com a maior área plantada no mundo, com quase 3 milhões de hectares cultivados somente no Brasil, associado ao alto teor de fibra da IM76-228, genitor descendente de *Saccharum robustum* e que tem demonstrado grande potencial em cruzamentos para a obtenção de cultivares cana energia.

Outras famílias que apresentaram médias elevadas para TFH foram a 34 (RB93509 × KRAKATAU), 11 (RB83102 × IM76-229), 24 (RB92579 × IM76-229), 13 (Co617 × KRAKATAU), 40 (IM76-228 × US85-1008) e 22 (RB867515 × US85-1008) demonstrando também o potencial dos genitores KRAKATAU, IM76-229 e US85-1008 na obtenção de cultivares cana energia, pois apresentaram elevado teor de fibra e alta produção de biomassa em mais de um cruzamento (Tabela 2). Esses genitores devem ser explorados em hibridações com outros genitores do programa de melhoramento genético da RIDESA (cultivares RB) como forma de otimizar o processo de desenvolvimento de cultivares cana energia. Além disso, hibridações entre esses genitores podem contribuir para o melhoramento intrapopulacional, tendo em vista que esses genótipos pertencem a um mesmo grupo heterótico.

A família 16 (RB01649 × IN84-58) apresentou a maior média para o teor de fibra (FIB) (Tabela 2 e Figura 1), o que pode ser consequência dos genes transmitidos pelo genitor IN84-58, portanto, novas hibridações entre esse genitor e genitores *Saccharum* spp., devem ser exploradas, a fim de avaliar o potencial desse genitor para o desenvolvimento da cana energia.

Outros destaques são o desempenho das famílias 27 (RB93509 × Co285) e 44 (RB93509 × B70710). Nessas famílias um grande número de indivíduos foram selecionados ($n_k = 17$), valor muito acima do almejado ($n_k = 10$) durante a seleção visual realizada nas melhores famílias (Tabela 2).

Em algumas famílias a meta de seleção ($n_k = 10$) não foi atingida, a exemplo das famílias 30 (CTC5 × US85-1008), 6 (IAC87-3396 × US85-1008) e 3 (B70710 × RB72910) (Tabela 2). Nessas famílias a alta incidência de doenças como carvão (*Sporisorium scitamineum*) e ferrugem alaranjada (*Puccinia kuehnii*), juntamente com o reduzido vigor dos indivíduos, contribuíram para a baixa taxa de seleção.

Os melhores desempenhos na produtividade de sacarose foram das famílias 43 (RB867515 × US76-14), 45 (CTC9 × UM69/001), 48 (RB946022 × RB92579) e 6 (IAC87-3396 × US85-1008), com produções acima de 17 toneladas de sacarose por hectare (Tabela 2 e Figura 2). O maior PC foi da família 48, que na verdade envolveu o cruzamento entre dois genitores descendentes de *Saccharum* spp., esse cruzamento manteve o alto teor de sacarose dos cruzamentos convencionais e em compensação apresentou um dos menores teores de fibra (Tabela 2). Esse resultado era o esperado uma vez que os dois genitores apresentam baixo teor de fibra.

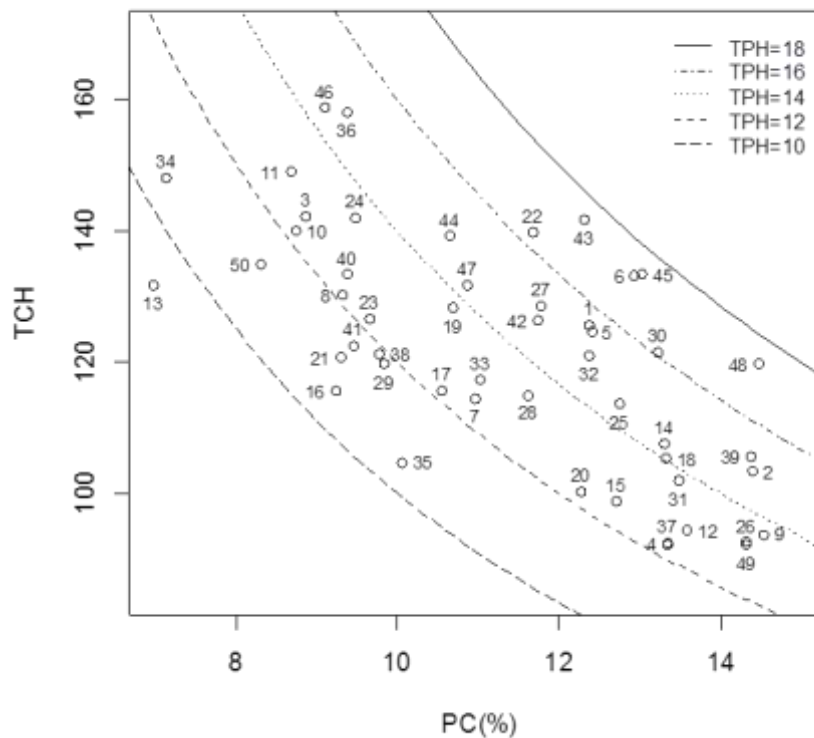


FIGURA 2 – Isoquantas da tonelada de sacarose por hectare (TSH) obtido com as médias genotípicas do pol percento cana (PC) e da tonelada de cana por hectare (TCH) das 50 famílias de cana energia.

A intenção de selecionar famílias com médias genotípicas elevadas para TFH e TSH, teve como principal razão a manutenção da variabilidade genética na segunda fase de teste (T2) do programa de melhoramento genético. Dessa forma, é esperado o avanço de clones que apresentam elevado teor de fibra durante as próximas etapas de seleção, além da seleção de

clones com as características industriais presente nas atuais cultivares. Com isso, será possível a seleção de futuros genitores, a serem explorados em programas de retrocruzamento e, em um cenário mais otimista, é possível acreditar na possibilidade da liberação de novas cultivares de cana energia e/ou cultivares convencionais, uma vez que, existem clones promissores entre os selecionados.

Na Tabela 3 é apresentado o teor de fibra (FIB), pol percento cana (PC), pureza (PUR) e o açúcar total recuperável (ATR) de 35 dos 199 clones selecionados e que possuem as características industriais da cana energia.

TABELA 3 – Médias do teor de fibra (FIB), pol percento cana (PC), pureza (PUR) e açúcar total recuperável (ATR) e a origem (família) de 35 clones promissores.

Clone	Família	FIB(%)	PC(%)	PUR(%)	ATR(Kg t ⁻¹)
PRP1235e	1	16,17	13,08	89,29	128,75
PRP12135e	3	15,35	12,37	90,74	121,66
PRP12153e	6	16,00	12,04	86,41	119,49
PRP12108e	11	19,15	9,42	76,31	96,63
PRP1251e	11	15,36	13,00	87,67	128,42
PRP127e	11	17,65	10,32	79,76	104,61
PRP12113e	13	18,44	8,56	71,64	89,63
PRP12140e	13	16,56	12,71	91,34	124,68
PRP12187e	13	18,09	9,11	81,41	92,58
PRP1280e	13	17,38	4,96	59,70	58,38
PRP12130e	16	19,55	8,03	69,57	84,92
PRP12160e	16	17,29	8,04	67,53	85,82
PRP1288e	16	17,89	9,09	79,82	92,82
PRP12122e	22	15,19	12,49	80,66	125,30
PRP1214e	24	16,98	12,57	91,32	123,30
PRP12158e	24	17,75	11,80	81,72	118,18
PRP12114e	27	17,06	5,70	58,71	65,66
PRP1297e	27	15,67	12,57	88,75	123,99
PRP12143e	36	16,86	12,39	85,95	122,87
PRP121e	36	15,13	13,60	84,87	134,82
PRP1220e	36	18,12	9,07	74,73	93,80
PRP1286e	36	18,13	9,89	78,73	100,66
PRP1287e	36	16,54	13,12	87,96	129,38
PRP12203e	39	16,15	14,00	87,19	138,01
PRP12131e	40	17,68	11,05	80,44	111,38
PRP1217e	40	16,40	12,84	86,35	127,18
PRP1294e	40	17,25	11,52	85,22	114,74
PRP12107e	41	17,40	9,97	79,14	101,42
PRP1283e	41	17,12	11,52	80,24	115,92
PRP1226e	43	17,69	11,22	81,01	112,85
PRP1260e	43	16,73	12,55	84,66	124,72
PRP1273e	44	17,58	9,36	80,10	95,41
PRP12154e	45	15,36	12,39	84,06	123,54
PRP123e	46	15,36	14,74	86,79	145,19
PRP1257e	46	15,60	12,16	76,57	123,14
Média		17,06	11,80	81,41	118,18
Desvio-padrão		1,12	2,26	8,11	19,84
Máximo		19,55	14,74	91,34	145,19
Mínimo		15,19	4,96	58,71	58,38

Os 35 clones promissores possuem um elevado teor de fibra e muitos deles também apresentam um elevado teor de sacarose. A caracterização e avaliação agrônômica de todos os clones ao longo das próximas fases do programa de melhoramento, confirmará o potencial de cada clone selecionado.

Dentre os 35 clones promissores, 24 foram selecionados em famílias que apresentaram médias elevadas para FIB e médias reduzidas para PC. Essas famílias foram a 11, 13, 16, 24, 36, 40, 41 e 46. Os desempenhos dessas famílias para FIB e PC podem ser observados na Figura 3. Na família 36, a de maior TFH (Tabela 2 e Figura 2), 5 dos 10 indivíduos selecionados estão entre os 35 clones promissores, demonstrando mais uma vez o potencial da combinação entre os genitores IM76-228 e a RB867515.

Conforme pode ser observado na Figura 3, existe uma ampla variabilidade genética para os caracteres PC e FIB tanto entre as famílias quanto entre os indivíduos selecionados, demonstrando que a estratégia de seleção foi eficiente na manutenção da variabilidade a ser explorada na segunda etapa de seleção.

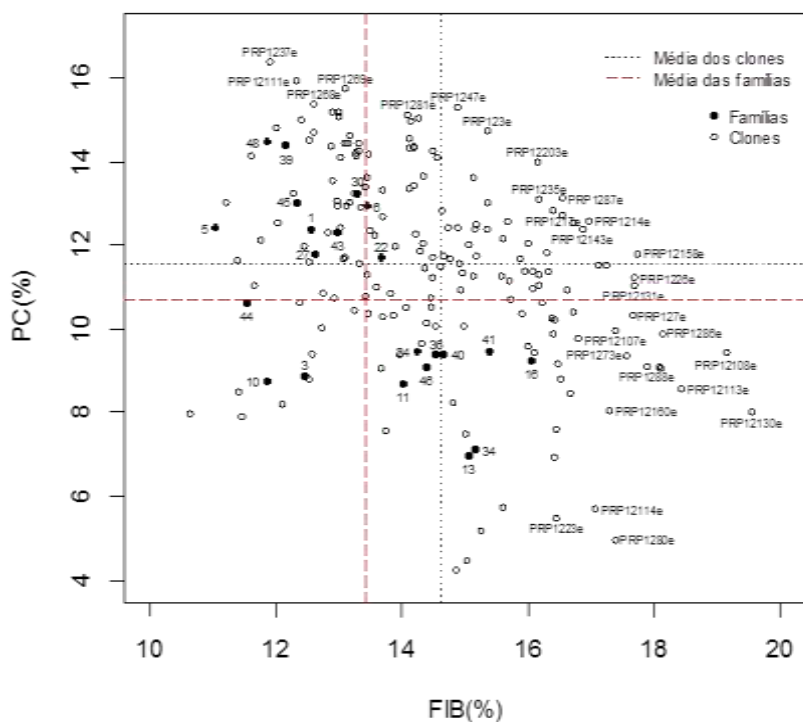


FIGURA 3 – Dispersão dos clones selecionados e das 22 melhores famílias a partir dos caracteres pol percento cana (PC) e teor de fibra (FIB).

Com a estratégia de seleção usada nesse trabalho é possível aumentar a probabilidade de selecionar clones com características específicas, a exemplo dos clones PRP1280e, PRP12108e, PRP12130e que apresentam teores de fibra entre 17,38% a 19,55% e baixo pol percento cana, assim como genótipos com teor de fibra superior a 15%, mas que também apresentam um elevado pol percento cana, a exemplo dos clones PRP12158e, PRP1214e, PRP12203e, PRP1260e e PRP123e, além de outros clones que também apresentaram médias de PC e/ou FIB acima da média dos clones selecionados (Figura 3).

O programa de melhoramento genético conduzido em Barbados conseguiu obter clones com até 42% de fibra e com Brix% de 23,5 ao cruzar genitores oriundos do programa de seleção recorrente para aumento de sacarose com acessos de *S. spontaneum* (Kennedy, 2008). Os resultados obtidos em Barbados e também nesse trabalho demonstram que a ampla variabilidade genética existente no complexo *Saccharum* pode ser explorada com diferentes finalidades, pois existem inúmeras possibilidades de novos rearranjos gênicos na cana-de-açúcar, o que permite modificar radicalmente as características das futuras cultivares.

Os clones selecionados apresentam grande potencial para serem explorados comercialmente e também em futuros cruzamentos. É importante destacar que embora esses clones apresentem características industriais interessantes, precisam possuir alta capacidade de produção de biomassa, tolerância as principais pragas e doenças, além de longevidade de socaria. Portanto, esses caracteres também devem ser avaliados nas próximas etapas de seleção.

A seleção de genitores e as combinações híbridas em cana-de-açúcar devem ser realizados com base em informações sobre a divergência genética e o coeficiente de parentesco, de forma a explorar ao máximo os efeitos de dominância via hibridações entre genitores de diferentes grupos heteróticos (Peternelli et al., 2009; Brasileiro et al., 2014). A escolha adequada dos genitores e as combinações entre eles tem contribuído para o desenvolvimento de novas cultivares, a exemplo da grande quantidade de cultivares desenvolvidas a partir de hibridações envolvendo a RB72454 e a SP70-1143. Os cruzamentos envolvendo esses dois genitores deram origem a 10 cultivares, incluindo as mais cultivadas e plantadas atualmente no Brasil. De fato, combinações específicas são capazes de alavancar a heterose nas gerações segregantes e aumentar as chances de identificar clones transgressivos em suas progênes.

Como a indicação de combinações híbridas deve ser realizada com base no potencial *per se* dos genitores e na magnitude de suas dissimilaridades. Os resultados apresentados

nesse trabalho podem ser muito úteis na realização de novos cruzamentos envolvendo genitores com maior teor de fibra advindos principalmente de descendentes de *S. spontaneum* e *S. robustum* com clones e cultivares atuais (*Saccharum* spp.).

Os melhoristas vêm explorando exaustivamente o elevado potencial de rendimento de sacarose na cana-de-açúcar por meio dos programas de melhoramento genético. Porém, devido às dificuldades encontradas nos últimos anos na obtenção de ganhos genéticos para essa característica (Lingle et al., 2010; Dal-Bianco et al., 2012), além da crescente demanda mundial por energias renováveis, uma alternativa ao setor sucroenergético seria o desenvolvimento de cultivares com maior capacidade de produção de biomassa e com maior teor de fibra. Essas novas cultivares pode incrementar significativamente a cogeração de energia, assim como permitir o melhor aproveitamento da celulose e hemicelulose, tanto na produção de etanol de segunda geração como na produção de bio-óleo e outros produtos a partir da pirólise da biomassa (Yang et al., 2006).

De acordo com Tew e Cobill (2008) a cana-de-açúcar cultivada atualmente apresenta em torno de 12% de fibra e 13% de açúcar. Segundo esses mesmos autores, para a obtenção da cana energia o melhoramento genético deve concentrar esforços no desenvolvimento de cultivares com 30% de fibra e 5% de açúcar. Porém, o caminho a ser percorrido para obter genótipos com essas características ainda é muito longo. No cenário atual, as usinas ainda não estão preparadas para processar cana-de-açúcar com teor de fibra superior a 20%. Nesse caso, para atender a demanda atual do setor sucroenergético, são necessários cultivares com teor de fibra em torno de 17% e com 13% de açúcar. Esse incremento no teor de fibra seria interessante do ponto de vista industrial, pois o rendimento de açúcar seria mantido e o bagaço usado na cogeração de energia elétrica apresentaria melhor qualidade e consequentemente maior poder calorífico, permitindo uma maior produção de eletricidade por tonelada de resíduo processado.

A seleção recorrente recíproca (SRR) deve ser aplicada a partir das informações de pedigree e de diversidade genética, de forma a explorar ao máximo a heterose dos futuros cruzamentos. A SRR apresenta grande potencial na obtenção de híbridos vigorosos. Para tanto, se faz necessário o melhoramento das populações de *Saccharum spontaneum*, *Saccharum robustum* e *Saccharum* spp., a partir da obtenção de híbridos intra e interespecíficos envolvendo os melhores genitores de cada espécie em cada geração recombinante.

O aumento do teor de fibra via seleção recorrente nas populações de *S. spontaneum* e *S. robustum* são essenciais para o sucesso do programa de cana energia, pois o uso de genitores com teores de fibra superiores aos usados nas 50 hibridações avaliadas nesse trabalho podem gerar famílias e clones com teores de fibra muito superior aos selecionados.

As informações obtidas nesse trabalho são essenciais para o direcionamento das novas hibridações e na elaboração de novas estratégias de avaliação e seleção em famílias de cana energia. Os cruzamentos entre *Saccharum* spp. × *Saccharum spontaneum* e *Saccharum* spp. × *Saccharum robustum* devem ser intensamente explorados, visando incrementar o teor de fibra presente nas futuras cultivares (Ming et al., 2006; Loureiro et al., 2011). Além disso, devido a expansão do cultivo da cana-de-açúcar que vem ocorrendo nos últimos anos no Brasil, principalmente em áreas com restrições edafo-climáticas, o cruzamento das cultivares atuais com descendentes de *S. spontaneum* e *S. robustum*, também pode contribuir para a introgressão de alelos responsáveis por proporcionar maior longevidade dos canaviais com plantio e colheita mecanizada, além de alelos para maior capacidade de perfilhamento e também para a tolerância aos principais estresses bióticos e abiótico de ocorrência na cana-de-açúcar.

4 CONCLUSÃO

Os melhores genitores para o desenvolvimento de clones com elevada produtividade de fibra são: RB867515, RB93509, RB92579, KRAKATAU, IM76-228, IM76-229 e US85-1008. Também foi possível identificar e selecionar indivíduos com elevado teor de fibra associado a um bom teor de sacarose, indivíduos com teor de fibra próximo de 20% e baixo teor de sacarose, assim como indivíduos que apresentam os mesmos teores de fibra e sacarose das cultivares atuais.

A cada ciclo de recombinação intrapopulacional novos cruzamentos entre genitores RB descendentes de *Saccharum* spp., devem ser realizados com os melhores genitores descendentes das populações de *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum*, de forma a explorar combinações híbridas via SRR, proporcionando o desenvolvimento de cultivares mais rústicas e que atendem as demandas atuais e futuras do setor sucroenergético.

REFERÊNCIAS

BARBOSA M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BARBOSA, G.V.S.; OLIVEIRA, R.A.; PETERNELLI, L.A.; DAROS, E. Genetic improvement of sugarcane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, p.87-98, 2012.

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 Applied Biotechnology**, v.5, p.443-450, 2005.

BRASILEIRO, B.P.; MARINHO, C.D.; COSTA, P.M.A.; MOREIRA, E.F.A.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Genetic diversity in sugarcane varieties in Brazil based on the Ward-Modified Location Model clustering strategy. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.1650-1660, 2014.

CARDONA, C.A.; QUINTERO, J.A.; PAZ, I.C. Production of bioethanol from sugarcane bagasse: status and perspectives. **Bioresource Technology**, v.101, p.4754-4766, 2010.

DAL-BIANCO, M.; CARNEIRO, M.S.; HOTTA, C.T.; CHAPOLA, R.G.; HOFFMANN, H.P.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, G.M. Sugarcane improvement: How far can we go? **Current Opinion in Biotechnology**, v.23, p.265-270, 2012.

DIAS, M.O.S.; JUNQUEIRA, T.L.; CAVALETT, O.; CUNHA, M.P.; JESUS, C.D.F.; MANTELATTO, P.E.; ROSSELL, C.E.V.; MACIEL FILHO, R.; BONOMI, A. Cogeneration in integrated first and second generation ethanol from sugarcane. **Chemical Engineering Research and Design**, v.91, p.411-417, 2013.

KENNEDY, A.J. Prospects for combining high sucrose content with increased fibre to generate multi-purpose cane varieties. *Proceedings 29th of the Conference of West Indies Sugar Technologists*, Jamaica, 2008. Disponível em: <http://www.jamaicasugar.org/wist/Proceedings/Prospects%20for%20combining%20high%20sucrose%20content.pdf>

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.

LINGLE, S.E.; JOHNSON, R.M.; TEW, T.L.; VIATOR, R.P. Changes in juice quality and sugarcane yield with recurrent selection for sucrose. **Field Crops Research**, v.118, p.152-157, 2010.

LOUREIRO, M.E.; BARBOSA, M.H.P.; LOPES, F.J.F.; SILVÉRIO, F.O. Sugarcane Breeding and Selection for more Efficient Biomass Conversion in Cellulosic Ethanol. In: BUCKERIDGE, M.S.; GOLDMAN, G.H. **Routes to Cellulosic Ethanol**. New York, Springer, p.2011, cap.13, p.199-239.

MING, R.; MOORE, P.H.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C.; TEW, T.L.; MIRKOV, T.E.; DA SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHELL, R.J.; BRUMBLEY, S.M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J.C.; PATERSON, A.H. Sugarcane Improvement through Breeding and

Biotechnology. *In*: JANICK, J. **Plant breeding reviews**. New York, John Wiley & Sons cap.2, p.15-118, 2006.

PETERNELLI, L.A.; Ferreira, F.M.; Rocha, R.B.; Barros, W.S.; Barbosa, M.H.P. Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R. **Bragantia**, v.68, p.849-855, 2009.

RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada Via Modelos Lineares Mistos**. Embrapa Florestas, Colombo, 2007.

STRINGER, J.K.; COX, M.C.; ATKIN, F.C.; WEI, X.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Sugar Tech**, v.13, p.36-41, 2011.

TEW, T.L.; COBILL, R.M. Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum* spp.) as an Energy Crop. *In*: VERMERRIS, W. **Genetic Improvement of Bioenergy Crops**, Springer, New York, 2008, cap.9, p.273-29.

YANG, H.; YAN, R.; CHEN, H.; ZHENG, C.; LEE, D.H.; LIANG, D.T. n-Depth investigation of biomass pyrolysis based on three major components: hemicellulose, cellulose and lignin. **Energy & Fuels**, v.20, p.388-393, 2006.

ZENI-NETO, H.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J.C.; SCAPIM, C.A.; VIDIGAL M.C.G.; FILHO, P.S.V. Selection of families and parents of sugarcane (*Saccharum* spp.) through mixed models by joint analysis of two harvests. **Euphytica**, v.193, p.391-408, 2013.

ZHOU, M.; LICHAKANE, M.; JOSHI, S.V. Family evaluation for quality traits in South African sugarcane breeding programmes. **Proceedings of the South African Sugar Technologists Association**, v.85, p.221-236, 2012.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As análises de diversidade e do coeficiente de parentesco permitiram a identificação de dois grupos heteróticos com genitores potenciais para obtenção de cultivares cana energia. Em um primeiro momento, foi recomendada a realização de hibridações envolvendo genótipos do grupo G1 (*Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum*), principalmente aqueles com teor de fibra acima de 17% (IJ76-293, 57NG12, IN84-82, IN84-88, IM76-228 e UM69/001), com os genótipos do grupo G2 (*Saccharum* spp.), que apresentam elevada produtividade agrícola e industrial (RB92579, RB83102, RB047232, RB867515, RB971723, RB937570, RB011941, RB75126, MEX68-200, Co62175 e CP691052), também foi recomendado a realização de hibridações entre os melhores genótipos dentro de cada grupo, com a finalidade de desenvolver cultivares de cana energia por meio da seleção recorrente recíproca (SRR).

Devido ao aspecto perene da cana-de-açúcar, os programas de melhoramento devem ser capazes de gerar novos clones durante os estágios de melhoramento intrapopulacional e interpopulacional. A melhor maneira de obter novos clones e conduzir o programa para obtenção de ganhos no longo prazo é fazendo uso da SRR. A SRR enfatiza o melhoramento do híbrido interpopulacional por meio do valor genético aditivo e da heterose.

Após a obtenção das famílias de cana energia, a seleção das mesmas deve ser realizada com base na tonelada de cana por hectare (TCH), que pode ser estimada via número médio de colmo (NC) e peso médio de colmo (PMC), pois esses dois componentes são os principais responsáveis pela determinação da produtividade de cana (TCH), fibra (TFH) e lignina (TLH). Portanto, a seleção de famílias com elevada produtividade de biomassa, possibilita a amostragem de clones promissores a serem avançados para as próximas etapas de avaliação e seleção conduzidas pelo programa de melhoramento genético da RIDESA.

Após a avaliação das 50 famílias de cana energia foi possível identificar os genitores de maior destaque. Nesse segundo momento, foi recomendada a realização de novas hibridações envolvendo os melhores genitores do grupo G1: KRAKATAU, IM76-228, IM76-229 e US85-1008 com os melhores genitores do grupo G2: RB867515 e RB93509. A seleção desses genitores foi realizada com base na avaliação do desempenho de suas progênes. Também é importante a execução de novas hibridações envolvendo os genitores do grupo G1 com clones e cultivares RB's que não foram avaliadas nesse trabalho, mas que são reconhecidos como bons genitores dentro do programa convencional de melhoramento

genético da RIDESA. Além disso, conforme recomendado anteriormente, deve-se procurar realizar o melhoramento das populações heteróticas, a partir de hibridações entre os melhores genitores dentro de cada grupo via cruzamentos biparentais e/ou via policruzamento, assim como realizar cruzamentos interpopulacionais, de forma a explorar os desvios de dominância, fazendo uso da seleção recorrente recíproca (SRR).

Outra maneira de explorar a heterose proporcionada nos cruzamentos entre genótipos de diferentes grupos heteróticos e que pode ser facilmente usada dentro do programa de melhoramento genético da RIDESA, principalmente devido ao reduzido número de acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum* presente no Banco Ativo de Germoplasma da UFAL, seria fazendo uso da seleção recorrente recíproca individual com famílias endogâmicas (SRRI-S1). A SRRI-S1 consiste na autofecundação dos genitores, objetivando obter a primeira geração S1. Posteriormente, ocorre a seleção dos indivíduos nas famílias S1 para serem futuramente cruzados interpopulacionalmente e recombinados a nível populacional. Com a aplicação da SRRI-S1 é possível eliminar alelos deletérios da população ao selecionar indivíduos transgressivos nas progênes, aumentar a variância genética nas populações e posteriormente explorar a heterose em cruzamentos interpopulacionais.

A autofecundação em cana-de-açúcar tem proporcionado o aumento do teor de fibra em suas progênes endogâmicas, conforme verificado em estudos conduzidos por Barbosa, MHP (comunicação pessoal). Portanto, a aplicação da SRRI-S1 pode alavancar os ganhos por ciclo de recombinação, aumentando a eficiência do programa de melhoramento genético da RIDESA na busca por cultivares cana energia.

O melhoramento da população de *Saccharum* spp., vem ocorrendo no Brasil desde o início do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, novos híbridos são gerados anualmente e mesmo que lentamente, novos ciclos de recombinação vem ocorrendo em média a cada 15 anos. Portanto, clones obtidos recentemente e que descendem de genitores avaliados nesse trabalho, podem ser usados em novas hibridações com os genitores do grupo G1, como exemplo podemos citar a cultivar RB99395, filha de RB867515 \times ? e a RB98710, filha do cruzamento SP81-3250 \times RB93509. Portanto, para tornar possível a aplicação da SRR e/ou SRRI-S1 no desenvolvimento de cultivares de cana energia, basta iniciar o melhoramento das populações de *S. spontaneum* e *S. robustum* de forma paralela ao programa de melhoramento convencional que já vem sendo conduzido. Simultaneamente, deve-se realizar hibridações entre os genitores dos diferentes grupos heteróticos a cada ciclo de recombinação.

Com apenas 13 acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum* foi possível obter genótipos com elevados teores de fibra e sacarose, ou seja, ficou demonstrado a possibilidade de combinar em um mesmo genoma o elevado teor de fibra dos acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum* com o elevado teor de sacarose das cultivares atuais. Isso comprova o potencial existente na exploração da variabilidade genética presente no gênero *Saccharum*. Portanto, a introdução de novos acessos e o aumento do teor de fibra via seleção recorrente dentro das populações de *S. spontaneum* e *S. robustum* poderá alterar radicalmente as características agrônomicas e industriais das futuras cultivares de cana-de-açúcar.

De acordo com os resultados apresentados no terceiro capítulo dessa tese, pode-se afirmar que foi possível selecionar clones com elevado teor de fibra associado a um bom teor de sacarose, clones com teor de fibra próximo de 20% e baixo teor de sacarose, assim como clones que apresentam os mesmos teores de fibra e sacarose das cultivares atuais. É importante destacar que embora esses clones selecionados apresentem características industriais interessantes, eles precisam possuir alta capacidade de produção de biomassa ao longo das safras, tolerância as principais pragas e doenças, além de longevidade de socaria. Portanto, esses caracteres também serão avaliados nas próximas fases do programa de melhoramento genético, permitindo a identificação dos melhores clones selecionados nas melhores famílias de cana energia.

A realização de retrocruzamentos envolvendo os clones selecionados e que apresentam elevado teor de fibra, com os genitores do grupo G1 também pode ser útil na ampliação da diversidade genética intrapopulacional. Pode ser avaliado também o efeito do retrocruzamento envolvendo esses clones selecionados e os melhores genitores do grupo G2, de forma a testar a possibilidade de recuperar o teor de sacarose nas futuras populações segregantes e manter os ganhos em fibra.

Com os dados gerados nessa pesquisa foi possível alcançar os objetivos inicialmente propostos, ou seja, identificar grupos heteróticos, genitores potenciais, selecionar as melhores combinações híbridas (famílias) e clones promissores presentes na população segregante. Além disso, também foi possível definir as estratégias a serem adotadas na avaliação e seleção de famílias de cana energia, assim como, propor a realização de novas hibridações e a aplicação da SRR e/ou SRRI-S1 na condução do programa de melhoramento genético de cana energia da RIDESA.