

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

PAULO ROBERTO WINCKLER FILHO

**DESEMPENHO DE FAMÍLIAS E GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR,
SÉRIE RB12, VIA MODELOS MISTOS NO ESTADO DO PARANÁ**

CURITIBA

2016

PAULO ROBERTO WINCKLER FILHO

**DESEMPENHO DE FAMÍLIAS E GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR,
SÉRIE RB12, VIA MODELOS MISTOS NO ESTADO DO PARANÁ**

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

Orientador: Professor Titular Edelclaiton Daros

Co-orientador: Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira

CURITIBA

2016

W762 Winckler Filho, Paulo Roberto

Desempenho de famílias e genitores de cana-de-açúcar, série RB12, via modelos mistos no estado do Paraná. / Paulo Roberto Winckler Filho. / Curitiba: 2016.

46 f.

Orientador: Edelclaiton Daros

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná.

Setor de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal.

1. Cana-de-açúcar – Melhoramento genético. 2. Cana-de-açúcar - Paraná. I. Daros, Edelclaiton. II. Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal. III. Título.

CDU 633.61(816.2)



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

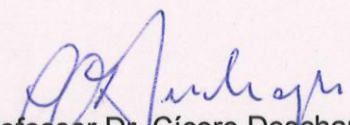


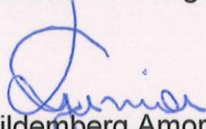
PARECER

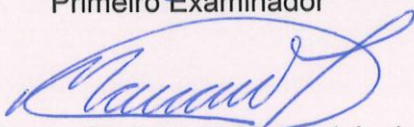
Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Dissertação de MESTRADO, apresentada pelo candidato **PAULO ROBERTO WINCKLER FILHO**, sob o título “**DESEMPENHO DE FAMÍLIAS E GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR, SÉRIE RB12, VIA MODELOS MISTOS, NO ESTADO DO PARANÁ**”, para obtenção do grau de Mestre em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.

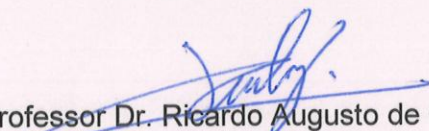
Após haver analisado o referido trabalho e argüido o candidato são de parecer pela “**APROVAÇÃO**” da Dissertação.

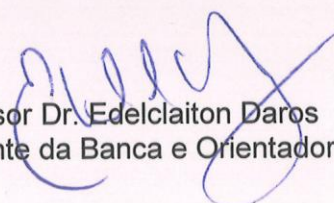
Curitiba, 28 de Setembro de 2016.


Professor Dr. Cícero Deschamps
Coordenador do Programa


Professor Dr. Gildemberg Amorim Leal Junior
Primeiro Examinador


Professor Dr. Agenor Maccari Junior
Segundo Examinador


Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira
Terceiro Examinador


Professor Dr. Edelclaiton Daros
Presidente da Banca e Orientador

*Felizardo é o homem convicto de
que, dia a dia, morre nele o animal,
enquanto o divino se instala.*

Henry David Thoreau (1846)

Dedico

Aos meus pais, Paulo Roberto Winckler e Carmen Lucia Piontkiewicz, por todo o carinho, esforço dedicado à minha criação e ao apoio integral para que eu estude cada vez mais.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar a Deus, por ter me concedido saúde, uma boa família e, além de tudo, o dom da vida.

Ao Professor Dr. Agenor Maccari Júnior, por ter me ensinado, estimulado e orientado a ingressar no mestrado.

Ao Professor Dr. Edelclaiton Daros, pelo acolhimento, apoio, orientação e compreensão incondicional nesses dois anos e meio.

Ao Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira, pela paciência, compreensão e auxílio na construção do conhecimento.

Aos meus pais, por todo o esforço, sacrifício, dedicação, carinho, amor, ensinamentos e eterno estímulo para que eu continuasse estudando.

Ao Dr. Heroldo Weber, Dr. Hugo Zeni Neto, Msc. Guilherme Souza Berton, Biólogo Fabio Vieira Rodrigues e toda a equipe de técnicos e trabalhadores da Estação Experimental de Paranavaí, pelo acolhimento, orientação, amizade, parceria e hospitalidade.

À Usina de Santa Terezinha, Unidade de Iguatemi, pelas análises tecnológicas utilizadas neste trabalho.

Ao corpo docente do programa de pós-graduação, por se dedicarem e buscarem a melhor forma de nos ensinar e orientar.

À Lucimara Antunes, pela eficiência, prontidão, simpatia e carisma.

Aos colegas e amigos discentes, pelo auxílio, amizade e por todos os bons momentos de confraternização.

À FUNPAR e ao PMGCA, pelo auxílio financeiro.

Aos demais funcionários do Departamento de Fitotecnia, pelo esforço e dedicação.

Por fim, à Universidade Federal do Paraná, por ter me acolhido desde 2008.

BIOGRAFIA DO AUTOR

PAULO ROBERTO WINCKLER FILHO, filho de Carmen Lucia Piontkiewisz e Paulo Roberto Winckler, nasceu no dia 11 de novembro de 1989, no Município de Curitiba, Estado do Paraná, Brasil. Terminou o ensino fundamental no Município de São Francisco do Sul, estado de Santa Catarina.

Em 2004 ingressou no Colégio Agrícola Senador Carlos Gomes de Oliveira, em Araquari, Santa Catarina, terminando o ensino médio e os Cursos de Técnico em Agropecuária e Técnico em Aquicultura no ano de 2006.

Em março de 2008 entrou para o curso de Agronomia da Universidade Federal do Paraná, formando-se Engenheiro Agrônomo em agosto de 2013.

Em março de 2014 ingressou no Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, do Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo da Universidade Federal do Paraná.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	07
LISTA DE FIGURAS	08
RESUMO GERAL	09
GENERAL ABSTRACT	09
1 INTRODUÇÃO GERAL	10
2 REVISÃO DE LITERATURA	12
2.1 OS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR NO BRASIL	12
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-AÇÚCAR	13
2.2.1 Esquema de seleção aplicada no Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar (PMGCA) da RIDESA	13
2.2.2 Seleção Massal.....	14
2.2.3 Seleção de famílias em cana-de-açúcar.....	15
2.2.4 Modelos mistos REML/BLUP aplicados ao estudo de família	17
2.3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	19
3 CAPÍTULO I	23
3.1 RESUMO	24
3.2 ABSTRACT	25
3.3 INTRODUÇÃO	26
3.4 MATERIAL E MÉTODOS	28
3.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
3.6 CONCLUSÕES	43
3.7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	44

LISTA DE TABELAS

TABELA 1	Relação dos cruzamentos biparentais, com os respectivos genitores masculino e feminino, da série RB12, Paranavaí, PR, 2016.	29
TABELA 2	Relação dos genitores e número de vezes que apareceram como progenitores femininos e masculinos, série RB12, em Paranavaí, PR, 2016	29
TABELA 3	Estimativas dos coeficientes de variância genotípica entre progênes de irmãos-germanos (σ^2_g), variância ambiental entre parcelas (σ^2_{parc}), variância residual dentro de parcela (σ^2_{dentro}), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a), coeficiente de determinação de efeito de parcelas (c^2_{parc}), herdabilidade da média da progênie no sentido amplo (h^2_{mp}), acurácia da seleção de progênes ($A_{C_{prog}}$) e média geral, para os caracteres: número de colmos por touceira (NCT) massa total da touceira (MTT) e toneladas de colmos por hectare (TCH), tonelada de pol (TPH) por hectare, tonelada de açúcares totais recuperáveis (TATR), e tonelada de fibra por hectare (TFH) de 45 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB12. Município de Paranavaí, PR, 2016.	34
TABELA 4	Valores genotípicos dos cruzamentos (Vgc) para os caracteres TCH, NCT, MTT, TART, TFH e TPH e classificação (Clas.) dos cruzamentos, Modelo 147, com respectiva média geral. Município de Paranavaí, PR, 2016.	35
TABELA 5	Efeito genotípico (g), efeito genotípico relativo ($g_{relativo}$) e número de indivíduos a serem selecionados (n_k) das 45 progênes de irmãos completos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k), via metodologia BLUPIS para a variável TCH. Município de Paranavaí, PR, 2016.	38
TABELA 6	Componentes de média BLUP obtidos através do modelo 33 (a = efeito genético aditivo, u+a = valor genético aditivo e ganho genético em %) para os 17 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais, para os caracteres agrônômicos número de colmos por touceira (NCT), massa total da touceira (MTT) e tonelada de colmos por hectare (TCH). Município de Paranavaí, PR, 2016.	39
TABELA 7	Componentes de média BLUP obtidos através do modelo 33 (a = efeito genético aditivo, u+a = valor genético aditivo e ganho genético em %) para os 17 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais, para os caracteres tonelada de Pol% por hectare (TPH), tonelada de açúcares totais recuperáveis (TATR) e tonelada de fibra por hectare (TFH). Município de Paranavaí, PR, 2016.	41

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1 Fluxograma do processo de seleção utilizado pela RIDESA 14
(adaptado de OLIVEIRA, 2007 e LUCIUS, 2012)

RESUMO GERAL

O setor sucroenergético é muito importante para o Brasil e o mundo. O melhoramento genético da cultura objetiva desenvolver novas variedades que atendam este setor. O processo de melhoramento genético de cana-de-açúcar é longo e oneroso, podendo demorar de 12 a 15 anos para o lançamento de variedades comerciais. A adoção de técnicas e metodologias rigorosas de experimentação e avaliação de genótipos é de suma importância, pois pode tornar o processo de seleção mais efetivo. Nos últimos anos as pesquisas em genética quantitativa incrementaram o conhecimento sobre a herdabilidade dos caracteres envolvidos na produção de cana-de-açúcar, permitindo que novas metodologias de seleção fossem criadas e estudadas. Dentre eles está a seleção de famílias, onde se objetiva escolher aquelas com elevados valores genotípicos. A aplicação destes modelos no estudo de famílias pode ser considerada como muito importante, tanto para a seleção de progênies com valores genotípicos acima da média experimental como para a identificação de genitores elite. Outro fator de grande importância é a experimentação com novos materiais genéticos, afim de explorar o maior número possível de cruzamentos, aumentando as chances de se incrementar o grau de heterose das novas progênies.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., estratégias de seleção, melhoramento genético

GENERAL ABSTRACT

The sugar-energy sector is very important for Brazil and the world. The genetic improvement of the culture aims to develop new varieties that meet this sector. The process of genetic improvement of sugarcane is long and costly, and may take from 12 to 15 years to launch commercial varieties. The adoption of rigorous techniques and methodologies of experimentation and evaluation of genotypes is of paramount importance, since it can make the selection process more effective. In recent years, quantitative genetic research has increased the knowledge about the heritability of the characters involved in the production of sugarcane, allowing new selection methodologies to be created and studied. Among them is the selection of families, where it is aimed to choose those with high genotypic values. The application of these models in the study of families can be considered as very important, both for the selection of progenies with genotypic values above the experimental average and for the identification of elite parents. Another factor of great importance is the experimentation with new genetic materials, in order to explore as many crosses as possible, enlarging the chances of increasing the heterosis degree of the new progenies.

Key-words: *Saccharum* spp., selection strategies, genetic improvement

1 INTRODUÇÃO GERAL

O setor sucroenergético é muito importante para o Brasil e do mundo. O país é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar e seus derivados, além de ser um importante consumidor e exportador de açúcar e etanol combustível. A importância econômica da cana-de-açúcar está relacionada com a grande quantidade de produtos oriundos do seu cultivo, como alimentos para o homem, forragem para animais e, principalmente, pela produção de etanol combustível e bioenergia (GASSEN, 2010; RODRIGUES, 2012; FREITAS, 2013).

De acordo com o último levantamento da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2016) para a safra 2016/2017 é prevista uma produção de 684,77 milhões de toneladas de cana em uma área colhida de 8.973,2 mil hectares, representando uma produtividade esperada de 76.313 kg ha⁻¹.

O melhoramento genético da cultura objetiva desenvolver novas variedades que atendam o setor sucroenergético. Atualmente três programas de melhoramento estão ativos no Brasil: o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) e a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), criada após a extinção do PLANALSUCAR - Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2005). Após 25 anos de atividade o programa de melhoramento da RIDESA já tinha liberado 74 variedades RB, sendo que estas, em 2005, já ocupavam mais de 50% da área cultivada na região centro-sul (BARBOSA et al., 2005). Em 2015 este número subiu para 94, ocupando aproximadamente 68% da área cultivada de cana-de-açúcar no país na safra 2014/2015 (DAROS et al., 2015).

O processo de melhoramento genético de cana-de-açúcar é oneroso e longo, podendo demorar de 12 a 15 anos para o lançamento de variedades comerciais. A adoção de técnicas e metodologias rigorosas de experimentação e avaliação de genótipos é de suma importância, pois pode tornar o processo de seleção mais efetivo (CANDIDO et al., 2009).

A primeira fase de seleção em cana-de-açúcar é denominada de T1 e é uma das mais importantes. Nela são avaliados milhares de indivíduos diferentes em um único ambiente. Comumente a seleção nesta e nas demais etapas a seleção é feita de forma

massal (ou individual). Bressiani (2001) afirma que esse método pode ser considerado menos eficiente, uma vez que se baseia em caracteres secundários para selecionar os caracteres principais, tornando a seleção estritamente fenotípica.

Nos últimos anos as pesquisas em genética quantitativa incrementaram o conhecimento sobre a herdabilidade dos caracteres envolvidos na produção de cana-de-açúcar, permitindo que novas metodologias de seleção fossem criadas e estudadas (COSTA et al., 2013). Dentre eles está a seleção de famílias, onde se objetiva escolher aquelas com elevados valores genotípicos (que estão acima da média geral), descartando-se as famílias com valores genotípicos baixos (OLIVEIRA, 2007; OLIVEIRA et al., 2011). Durante as primeiras fases de seleção de um programa de melhoramento, o emprego do estudo de famílias pode ser preferido quando as herdabilidades individuais forem de baixa magnitude (OLIVEIRA, 2007; COSTA et al., 2013).

A aplicação dos modelos mistos no estudo de famílias em cana-de-açúcar pode ser considerado como muito importante, tanto para a seleção de progênies com valores genotípicos acima da média experimental como para a identificação de genitores elite. Estes modelos indicam os melhores cruzamentos que, além de nortear a seleção para as fases seguintes, podem ser explorados em novas combinações híbridas no futuro, visando a obtenção e identificação de cruzamentos superiores (BRESSIANI, 2001; OLIVEIRA, 2007; OLIVEIRA et al.; 2008; 2011; LUCIUS et al., 2012; BARBOSA et al., 2014).

Dentre os cruzamentos utilizados neste trabalho as variedades RB946903, RB996963 e RB966928 foram inseridas nos cruzamentos. Também se reduziu o número de genitores e aumentou-se o número de vezes que eles participaram dos cruzamentos, afim de explorar melhor as possíveis combinações entre eles.

O objetivo geral deste trabalho foi aplicar os modelos mistos no melhoramento genético de cana-de-açúcar, visando selecionar progênies e progenitores com valores genéticos acima da média. Os objetivos específicos foram: a) avaliar o desempenho de 17 genitores em 45 diferentes cruzamentos b) estimar os parâmetros genéticos e predizer os valores genotípicos destas famílias; c) identificar os melhores genitores para seis caracteres agrônômicos e tecnológicos; d) aplicar a metodologia BLUPIS para identificar o número de clones que serão selecionados para a fase T2 dentro das melhores famílias.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 OS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR NO BRASIL

Os programas de melhoramento genético são muito importantes para o setor sucroenergético brasileiro (BARBOSA et al., 2005). No início do século XX foram criados os primeiros programas no país. Atualmente três programas de melhoramento estão ativos no Brasil: o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), criado após o fechamento da COPERSUCAR, e a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) (BARBOSA et al., 2005).

A RIDESA foi criada no início da década de noventa através de convênio entre sete Universidades Federais (UFPR, UFSCar, UFV, UFRRJ, UFSE, UFAL e UFRPE), após a extinção do PLANALSUCAR - Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (RIDESA, 2015). Posteriormente houve a adesão de mais três Universidades (UFG, UFMT e UFPI), totalizando a participação de 10 Instituições Federais de Ensino Superior.

Após 25 anos de atividade o programa de melhoramento da RIDESA liberou 65 novas variedades, sendo que estas, em 2015, já ocupavam mais de 68% da área cultivada no Brasil. Essa eficiência no desenvolvimento de novos genótipos foi de suma importância para o país e trouxe grande retorno aos investimentos aplicados à pesquisa (DAROS et al., 2015).

Dentre todas as variedades já lançadas pelo programa, três merecem destaque. A RB72454 foi uma das variedades mais importantes desenvolvidas pelo PLANALSUCAR para a atividade sucroalcooleira no Brasil. Em função das suas características de boa produtividade e adaptabilidade, passou a ocupar mais de 20% de toda a área cultivada no Brasil entre os anos de 1995 e 2005 (BARBOSA et al., 2012; BARBOSA, 2014). A RB867515 foi liberada pelo PMGCA da UFV em 1997 (BARBOSA et al. 2001) e ocupou 22,1% de toda a área cultivada nacional em 2011 (BARBOSA et al. 2012). Atualmente a

RB966928 está substituindo a RB867515 e hoje já ocupa aproximadamente 9% da área cultivada no Brasil (DAROS et al., 2015).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-AÇÚCAR

2.2.1 Esquema de seleção aplicada no Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar (PMGCA) da RIDESA

O início do processo de melhoramento genético do PMGCA são os cruzamentos, que são realizados no banco de germoplasma localizado na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro (UFAL), no Município de Murici, Estado de Alagoas. As sementes são obtidas através de cruzamentos pré-selecionados, sendo posteriormente enviadas para as Universidades que compõem o programa (BARBOSA et al., 2005).

A primeira fase de seleção é chamada de T1 e é iniciada com germinação e transplântio das plântulas no campo. Esta fase é composta por um grande número de indivíduos, podendo chegar a 1.000.000 de genótipos diferentes. Após a primeira fase de seleção, os clones potenciais passam para a segunda fase, chamada de T2. Estes clones são avaliados experimentalmente em parcelas de um sulco com 3 a 5 metros de comprimento. Nesta fase a seleção é aplicada em cana planta e cana soca e os genótipos selecionados passam para a terceira fase, chamada de T3. A partir desta fase os clones são avaliados em diferentes locais, sendo feita também a propagação destes genótipos, considerando-se a possibilidade de serem lançados, visando ter material suficiente para posterior plantio (BARBOSA et al., 2005).

A partir desse momento se inicia a quarta fase, denominada de fase experimental (FE). Nela as avaliações são feitas em experimentos durante três anos consecutivos. Por fim, os clones superiores selecionados nessa fase são lançados como variedades RB. O processo de obtenção de variedades é longo, podendo demorar 15 anos no total (BARBOSA et al., 2005). Durante todo esse processo, mais de 80 características de interesse agrônômico e industrial são buscadas na seleção de novos genótipos (SILVA et al., 2013).

A FIGURA 1 ilustra as etapas envolvidas durante o processo de seleção de cana-de-açúcar nos programas da RIDESA

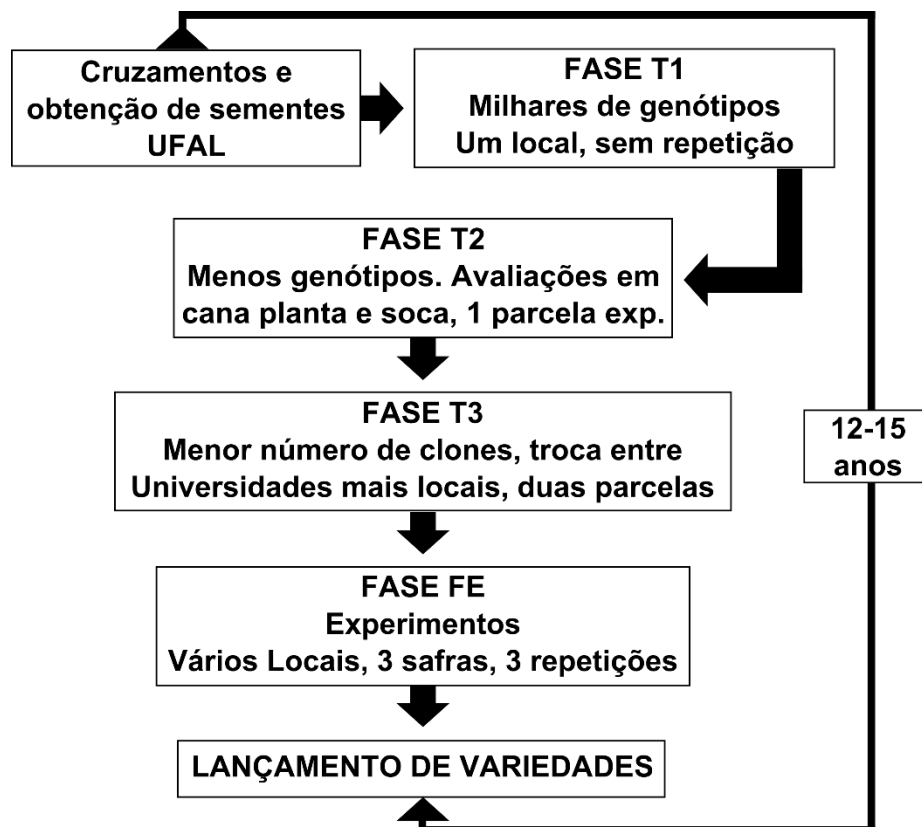


FIGURA 1. Fluxograma do processo de seleção utilizado pela RIDESA (adaptado de OLIVEIRA, 2007 e LUCIUS, 2012)

2.2.2 Seleção Massal

A seleção massal ou individual em cana-de-açúcar é a mais utilizada nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar. Este tipo de seleção é o mais simples e, em muitos casos, produz a resposta mais rápida. Entretanto pode ser considerado o menos eficiente quando comparado com a seleção de famílias (ALMEIDA, 2010). Essa restrição na eficiência está relacionada ao fato de este tipo de seleção pode ser considerado como indireto, uma vez que se baseia em caracteres secundários para selecionar os caracteres principais (BRESSIANI, 2001).

Quando aplicada na primeira fase de seleção genética de cana-de-açúcar (Fase T1) pode ter eficiência restrita, uma vez que a seleção estará sendo feita através de caracteres com baixa herdabilidade (SKINNER, 1982). Oliveira et al. complementam que seleção massal é baseada em caracteres indiretos de produção, podendo diminuir a eficiência seletiva de clones promissores, pois apenas considera apenas os efeitos fenotípicos envolvidos em uma determinada característica.

Bressiani (2001) relata que a avaliação visual na fase T1 realizada para caracteres secundários, como, por exemplo, altura, diâmetro e número de colmos (os quais estão relacionados com a produtividade) deveria ser adotada como um método preliminar (também conhecido como "*screening*") para eliminar os indivíduos que fossem realmente desfavoráveis.

Nesse sentido, Andrade e Coelho Júnior (2015) evidenciam que a seleção individual de clones em ciclo de cana soca tem maior eficiência quando é realizada dentro de famílias elites previamente selecionadas em ciclo de anterior. Portanto é possível afirmar que a seleção individual, associada à seleção de famílias, pode tornar o processo de seleção de variedades mais efetivo (KIMBENG et al., 2000; KIMBENG e COX, 2003; LANDELL e BRESSIANI, 2005).

2.2.3 Seleção de famílias em cana-de-açúcar

O sucesso dos programas de melhoramento de plantas, não só dos de cana-de-açúcar, depende de uma série de fatores. A realização de experimentos a campo através da utilização de metodologias rigorosas de condução, coleta de dados e análise é imprescindível para a detecção dos genótipos superiores (CANDIDO et al., 2009), os quais futuramente poderão ser lançados comercialmente como variedades. A escolha dos genitores, em um programa de melhoramento, baseada em função de caracteres agronômicos favoráveis, aumenta a probabilidade de se obter uma nova variedade comercial (PEDROZO et al., 2009). É necessário que exista variabilidade entre os genitores escolhidos, a fim de melhorar a seleção dos filhos oriundos dos cruzamentos. Na cultura de cana-de-açúcar, essa variabilidade genética provém de cruzamentos efetuados entre genitores previamente selecionados e que apresentam características tidas como importantes do ponto de vista produtivo (DUTRA FILHO et al., 2011).

Storck et al. (2006) relatam que desde o planejamento dos experimentos deve-se adotar medidas para minimizar os efeitos do erro experimental. Dentre essas medidas os autores destacam os princípios básicos da experimentação, como a repetição, a casualização e o controle local dos tratamentos. Entretanto, alguns fatores não controláveis, como a heterogeneidade do solo nas parcelas, a competição entre parcelas e competição entre plantas podem causar aumento do erro experimental (RAMALHO et al., 2005), diminuindo a efetividade da seleção.

Nos últimos anos as pesquisas incrementaram o conhecimento sobre a herdabilidade dos caracteres envolvidos na produção de cana-de-açúcar. Com isso novas metodologias de seleção baseadas nessas características ganharam importante espaço nos programas de melhoramento (COSTA et al., 2013). A herdabilidade é um coeficiente genético que expressa a relação entre a variância genotípica (VG) e a variância fenotípica (VF), em outras palavras, mede o nível da correspondência entre o fenótipo e o valor genético. Este coeficiente tem como principal importância o papel de predição, expressando o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético (RESENDE, 2002).

De acordo com Lucius (2012) os programas de melhoramento utilizam diversos critérios de seleção. Dentre eles está a seleção de famílias, na qual se obtêm dados com mais precisão, auxiliando na identificação de novos clones para produção em diversos tipos de ambientes.

A seleção de famílias objetiva escolher aquelas com elevados valores genotípicos (que estão acima da média geral), descartando-se as famílias abaixo da média experimental (OLIVEIRA, 2007; OLIVEIRA et al., 2011).

Durante as primeiras fases de seleção de um programa de melhoramento, o emprego do estudo de famílias pode ser preferido quando a escolha dos novos genótipos é baseada em caracteres com baixa herdabilidade, tornando mais efetivo o processo de seleção (COSTA et al., 2013). Nestas primeiras etapas, o volume de indivíduos avaliado é muito grande, exigindo que o melhorista utilize ferramentas mais eficazes para melhorar a eficiência do programa de seleção. Portanto, o emprego de métodos adequados de genética quantitativa e métodos estatísticos pode resultar em predições mais acuradas do valor genotípico das variáveis estudadas (FREITAS et al., 2013).

Barbosa (2000) defende que a seleção de famílias é uma alternativa para melhorar a eficiência da seleção individual em cana-de-açúcar. O autor ainda explica que emprego do estudo de famílias aumenta a probabilidade de identificar clones superiores,

melhorando a eficiência da utilização dos recursos empregados em um programa de melhoramento. Além disso este tipo de estudo pode contribuir para predizer cruzamentos superiores, permitindo a concentração de maior esforço nos cruzamentos mais promissores e com maior potencial de se tornarem variedades (SKINNER et al., 1987).

2.2.4 Modelos mistos REML/BLUP aplicados ao estudo de família

Os modelos mistos foram idealizados por Henderson (1975). Um modelo estatístico é considerado misto quando há efeitos fixos e aleatórios associados aos dados experimentais, além do erro experimental. A predição destes efeitos fixos, na presença de efeitos aleatórios, é de suma importância para o melhoramento de plantas (ALMEIDA, 2010).

Resende e Barbosa (2006) afirmam que o procedimento ótimo para a avaliação de famílias em cana-de-açúcar são os modelos mistos REML/BLUP. O REML é a máxima verossimilhança restrita (do inglês *Restricted Maximum Likelihood*) e permite estimar os parâmetros genéticos. O BLUP é o melhor preditor linear não viesado ou viciado (do inglês *Best Linear Unbiased Predictor*) e através dele são preditos os valores genotípicos das famílias estudadas (RESENDE, 2002).

As análises feitas através do BLUP consideram os dados obtidos a campo através da avaliação individual de todos os indivíduos presentes nas parcelas experimentais (OLIVEIRA et al., 2011). Entretanto, em determinadas situações, não se faz a avaliação individual de cada parcela na sua totalidade. Em função disso, Resende e Barbosa (2006) desenvolveram o BLUP Individual Simulado, permitindo que a seleção de famílias seja feita através da colheita total das parcelas, utilizando os dados médios (OLIVEIRA et al., 2013), facilitando os trabalhos de experimentação a campo.

Resende et al. (2001) e Bernal Filho et al. (2007) citam vantagens na utilização de modelos mistos REML/BLUP na estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos no melhoramento genético de cana-de-açúcar: 1) Pode-se utilizar dados desbalanceados; 2) Permite a utilização de dados coletados em experimentos conduzidos de forma menos rígida; 3) Possibilita o emprego simultâneo de um grande volume de dados obtidos a partir de vários experimentos; 4) Corrige os dados considerando-se os efeitos ambientais, predizendo de maneira precisa e não tendenciosa

os valores genotípicos. Nesta mesma linha de raciocínio, Farias Neto et al. (2009) acrescentam que, além dessas vantagens, os modelos mistos também possibilitam a maximização da acurácia seletiva, tornando a seleção mais eficiente. Além disso, a utilização dos modelos mistos pode fornecer informações com alta acurácia seletiva. Silva (2012) comenta que isso se deve ao fato de que estes modelos consideram associações genéticas existentes entre os indivíduos, pelo eventual parentesco entre elas, as quais são quantificadas por informações genealógicas.

Oliveira et al. (2008) estudaram seleção de famílias para produtividade em TCH. No referido trabalho os autores observaram que a seleção de famílias seria efetiva, pois obtiveram na análise acurácia seletiva entre famílias superior a 85%. Da mesma forma ocorreu em estudo de famílias para Oliveira et al. (2011) estudaram a aplicação dos modelos mistos em 80 famílias de irmãos germanos. Os autores verificaram que a seleção clonal via procedimento BLUPIS indicou maior número de clones potenciais para caracteres quantitativos, em comparação com a seleção massal aplicada no mesmo experimento. Ainda neste estudo, os autores acrescentam que, selecionando-se mais indivíduos com valor genético cultural acima da média, maior é a chance de se obter um clone elite futuramente.

2.3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDRADE, J. S. C. O.; COELHO JÚNIOR, J. M. Avaliação do desempenho agroindustrial de famílias da série RB07 na fase inicial de seleção em cana-de-açúcar, **GEAMA**, Recife, v.2, n.1, setembro, 90-115p, 2015.

ALMEIDA, L. M. **Seleção de famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar e estimativa da diversidade genética via marcador de DNA (ISSR)**. 2010. 83p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes.

BARBOSA, G. V. S. **Contribuição do melhoramento genético da cana-de-açúcar para a agroindústria canavieira de Alagoas**. 142p., 2014. (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

BARBOSA, M. H. P. **Perspectivas para o melhoramento da cana-de-açúcar**. In: **Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas: Genética e melhoramento de espécies de propagação vegetativa**. Lavras, UFLA, 2000, p. 1-17.

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. **Estratégias de melhoramento genético da cana-de-açúcar em universidades**. In: IX Simpósio sobre seleção recorrente. Lavras, UFLA, 2005.

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 sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, 87-98p., 2012.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I.; OLIVEIRA, M.W.; SOUZA, V.F.M.; RIBEIRO, S.N.N. RB867515 Sugarcane variedade. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, 437-438p., 2001.

BESPALHOK FILHO, J. C.; OLIVEIRA, R. A. de; ZAMBON, J. L. C.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V. de. Seleção de clones de cana-de-açúcar na fase T2 usando modelos mistos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 4., 2007, São Lourenço. **Melhoramento de plantas e agronegócio: anais**. Lavras: UFLA: SBMP, 2007.

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

CANDIDO, L. S. **Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas**. 2009. 93p. Tese (Doutorado em Agronomia) UNESP, Jaboticabal.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra Brasileira. Cana-de-açúcar Safra 2016/2017: Segundo levantamento**, agosto/2016. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> Acesso em: 21/08/2016.

COSTA, K. D. S.; CARVALHO, I. D. E.; SILVA, J. W.; CUNHA, J. L. X. L.; SILVA, J.; TEIXEIRA, J. S. Escolha de famílias em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Agropecuária Científica No Semi-Árido**, 9(1), 2013, 7-13p.

DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; BARBOSA, G. V. S. 45 anos de variedades RB: 25 anos de RIDESA. Curitiba: Graciosa, 1ed, 156p, 2015.

DUTRA FILHO, J. A.; MELO, J. O.; RESENDE, L. V.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; BASTOS, G. Q. Application of multivariate techniques in the study of genetic diversity in sugarcane. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 1, p. 185, 2011.

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

FREITAS, E. G. **Uso de informações de parentesco e modelos mistos para avaliação e seleção de genótipos de cana-de-açúcar**. 2013. 102p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade de São Paulo: Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz, São Paulo.

FREITAS, E. G.; PASTINA, M. M.; GAZAFFI, R.; PINTO, L. R.; XAVIER, M. A.; LANDELL, M. G. A.; GARCIA, A. A. F. Modelos mistos para seleção de genótipos superiores e de futuros genitores de cana-de-açúcar. In: **Reunião Anual Da Região Brasileira Da Sociedade Internacional De Biometria**, 58.; Simpósio De Estatística Aplicada À Experimentação Agrônômica, Campina Grande, 15p, 2013.

GASSEN, M. H. **Produção e eficiência de isolados de *Metarhizium anisopliae* (metsch.) sorok. no controle da cigarrinha-das-raízes da cana-de-açúcar**. Tese (Doutorado em Agronomia-Proteção de Plantas), Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP, 2010.

GRIVET, L.; ARRUDA, P. **Current Opinion in Plant Biology**, 122-127p. 2001.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

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

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

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agronômico. p.101-155. 2005.

LUCIUS, A. S. G. **Avaliação de famílias de cana-de-açúcar via REML/BLUP visando aumento de produtividade**. 2012. 68P. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

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

OLIVEIRA, R. A. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. 2007. 142p. Tese (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; RESENDE, M. D. V.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T. I.; WEBER, H.; ZENI-NETO, H. Seleção via procedimento BLUPIS versus seleção massal em cana-de-açúcar. In: Congresso Nacional da STAB, 2008, Maceió. **Anais...** Maceió - STAB, p.537-541, 2008.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; RUARO, L. Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures. **Acta Scientiarum**. Agronomy, 35, 2013, 427-434p. <http://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i4.16430>

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; DE SOUZA, T. R.; FERNANDEZ LUCIUS, A. S. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 70, n. 4, p.1-5, 2011.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, v. 10, n. 1, p. 31-36, 2009.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2ª Ed. Lavras, Ed. UFLA, 2005.

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

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 41(3), 421-429p, 2006. doi:<http://doi.org/10.1590/S0100-204X2006000300008>

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

RIDESA - Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro. **Vários documentos**. 2015. Disponível em: <<http://www.ridesa.com.br>>. Acesso em: 05/08/2016.

RODRIGUES, R. **Cordel do Agro**. São Paulo: FGV Projetos, 2012. 32p.

SILVA, M. A. G. **Modelos mistos na seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar sob o enfoque bayesiano**. 2012. 71p. Tese (Dissertação em Estatística Aplicada e Biometria), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

SILVA, P. B. B.; UCHÔA, S. B. B.; TONHOLO, J.; ARAÚJO, T. G. L.; FLORENTINO, E. A. P. G.; ARAÚJO, V. R. B. S. Prospecção tecnológica das variedades de cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária Para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético - RIDESA. Universidade Federal de Alagoas - UFAL. **Cadernos de Prospecção**, vol.6, n.2, 201-218p., 2013. D.O.I.: <http://dx.doi.org/10.9771/S.CPROSP.2013.002.024>

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

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

STORCK, L.; GARCIA, D.C.; LOPES, S.J.; ESTEFANEL, V. **Experimentação vegetal**. 2.ed. Santa Maria: Universidade Federal de Santa Maria, 2006. 198p.

3 CAPÍTULO I

DESEMPENHO DE FAMÍLIAS E GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR, SÉRIE RB12, VIA MODELOS MISTOS NO ESTADO DO PARANÁ

3.1 RESUMO

DESEMPENHO DE FAMÍLIAS E GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR, SÉRIE RB12, VIA MODELOS MISTOS NO ESTADO DO PARANÁ

O melhoramento genético de cana-de-açúcar é a base de sustentação do setor sucroenergético. O objetivo deste trabalho foi selecionar progênies e genitores de cana-de-açúcar oriundas de cruzamentos biparentais, via modelos mistos, na fase T1. Empregou-se a metodologia REML/BLUP, onde o REML estimou os parâmetros genéticos e o BLUP permitiu a predição dos valores genotípicos das progênies estudadas. Foram utilizadas 45 famílias de irmãos completos da série RB12, provenientes de cruzamentos realizados na Estação de Cruzamentos Serra do Ouro, Município de Murici, Alagoas, no ano de 2012. Este trabalho foi conduzido em área experimental, localizada no Município de Paranavaí, Paraná, entre os anos de 2012 e 2014. O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso, com cinco repetições por família e 20 plantas por parcela. Seis parâmetros foram avaliados: número de colmos por touceira (NCT), massa total da touceira (MTT), tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de Pol por hectare (TPH), tonelada de açúcares totais recuperáveis (TATR) e tonelada de fibras por hectare (TFH). As avaliações foram feitas em cana soca, no ano de 2014. De acordo com os resultados observou-se que os coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foram de baixa magnitude para todos os caracteres estudados. Em função dos valores elevados de acurácia da seleção de progênies (Ac_{prog}), pode-se afirmar que a seleção de progênies foi efetiva para todos os caracteres estudados. Para os caracteres TCH, NCT, MTT, TPH e TATR 20 das 45 progênies apresentaram valores genotípicos acima da média. Para a variável TFH 19 progênies apresentaram V_{gc} acima da média. Através da aplicação da metodologia BLUPIS para a variável TCH foram selecionados 420 indivíduos acima da média. As cinco melhores famílias para o caractere TCH foram RB946903 e RB996963, RB855156 e RB987935, RB987935 e RB975932, RB946903 e RB855156 e RB975932 e RB966928. Na seleção de genitores as variedades RB855156, RB946903, RB975932, RB987935 e RB996961 apresentaram efeitos genéticos aditivos positivos para todas as variáveis estudadas. A variedade RB975932 foi a primeira colocada para 5 dos seis caracteres avaliados. As novas variedades estudadas apresentaram potencial semelhante às variedades mais antigas cruzamentos, tanto para a identificação de famílias como na seleção de genitores. Na seleção de genitores as variedades RB855156, RB946903, RB975932, RB987935 e RB996961 apresentaram efeitos genéticos aditivos positivos para todas as variáveis estudadas. Estes genitores podem ser utilizados em cruzamentos futuros, dado o elevado potencial destas variedades. As variedades RB867515 e RB966928 apresentaram resultados elevados para as características estudadas. Embora não tenham ocupado as primeiras posições, pode-se realizar cruzamentos futuros com estes materiais, afim de explorar melhor o seu grande potencial produtivo.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., herdabilidade, estratégias de seleção, melhoramento genético

3.2 ABSTRACT

PERFORMANCE OF FAMILIES AND PROGENITORS IN SUGARCANE, RB12 SERIES, BY MIXED MODELS IN THE STATE OF PARANA

The genetic improvement of sugarcane is the base of the sugarcane industry. The objective of this work was select progenies and progenitors of sugarcane derived from biparental crosses, via mixed models in the T1 phase. The REML / BLUP methodology was adopted, where the REML estimated the genetic parameters and the BLUP allowed the prediction of the genotypic values of the progenies. 45 full-sib families of the RB12 series were used, from crosses made in Serra do Ouro Station, municipality of Murici, Alagoas, in 2012. This work was conducted in the experimental area, located in the city of Paranavaí, Paraná, between the years 2012 and 2014. the experimental design adopted was randomized blocks with five repetitions per family and 20 plants per plot. Six parameters were evaluated: number of stems per plant (NCT), the total mass of the stump (MTT), ton of cane per hectare (TCH), ton of Pol per hectare (TPH), ton of total recoverable sugars (TATR) and ton fibers per hectare (TFH). Evaluations were made in ratoon cane in the year 2014. According to the results it was observed that the individual heritability coefficients in the broad sense (\hat{h}^2_a) were of low magnitude for all the studied characters. Due to the high levels of accuracy of selection of progeny ($A_{C_{prog}}$), it can be said that the selection of progeny was effective for all studied characters. For the characters TCH, NCT, MTT, TPH and TATR 20 of 45 progenies showed genotypic values above average. For TFH character 19 progenies had V_{gc} above average. By applying the methodology for BLUPIS considering the character TCH, 420 individuals were selected character above average. The top five families for the character TCH were RB946903 and RB996963, RB855156 and RB987935, RB987935 and RB975932, RB946903 and RB855156 and RB975932 and RB966928. In the selection of progenitors, the varieties RB855156, RB946903, RB975932, RB987935 and RB996961 showed positive genetic additive effects for all characters. The RB975932 variety showed the best results in five of the six evaluated characters. The new varieties studied showed similar potential in relation to the older varieties, both for identify the best families as for progenitors' selection. The RB855156 varieties RB946903, RB975932, RB987935 and RB996961 showed positive genetic additive effects for all studied variables. These progenitors can be used in future crosses, considering the high potential of these varieties in the genetic improvement. The varieties RB867515 and RB966928 showed high results for the characteristics studied. Although not busy the first position, in the future more crosses with these two varieties can be released, in order to exploit its great production potential.

Key-words: *Saccharum* spp., heritability, selection strategies, genetic improvement

3.3 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) são os principais responsáveis pelo sucesso da atividade no Brasil (BARBOSA et al. 2004; 2005). Nos últimos anos as pesquisas incrementaram os conhecimentos sobre a herdabilidade dos caracteres envolvidos na produção de cana-de-açúcar. Com isso novas metodologias de seleção baseadas nessas características ganharam importante espaço nos referidos programas (COSTA et al., 2013).

Na maioria dos programas de melhoramento a seleção massal ou individual é a mais utilizada (MATSUOKA et al., 2005). Kimbeng e Cox (2003) e Stringer et al. (2011) citam que o ganho genético a partir da seleção de famílias seguida da seleção individual de clones é maior do que o ganho com a seleção massal.

Atualmente o método dos modelos mistos REML/BLUP tem sido adotado, onde o REML (máxima verossimilhança restrita) possibilita estimar os parâmetros genéticos, e o BLUP (melhor predição linear não viciada) prediz os valores genotípicos das famílias. Ele é apontado como o procedimento ótimo no estudo de famílias em cana-de-açúcar por Resende (2002).

De acordo com Resende et al. (2001) há uma série de vantagens na utilização de modelos mistos REML/BLUP na estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos no melhoramento: a) Pode-se utilizar dados desbalanceados; b) Permite a utilização de dados coletados em experimentos conduzidos de forma mais flexível; c) Possibilita o emprego simultâneo de um grande volume de dados obtidos a partir de vários experimentos; d) Corrige os dados considerando-se os efeitos ambientais, predizendo de maneira precisa e não tendenciosa os valores genotípicos.

Uma das dificuldades mais comuns encontradas a campo em um programa de melhoramento é a avaliação individual de todos os genótipos nas etapas iniciais. Entretanto a Fase inicial conhecida como T1 é uma das mais importantes em um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar (CESNIK e MIOCQUE, 2004).

Um método que determina de forma dinâmica e mais precisa o número de indivíduos a serem selecionados em cada família que permite descartar as avaliações individuais é o BLUP Individual Simulado - BLUPIS (RESENDE e BARBOSA, 2006). A seleção de famílias objetiva escolher aquelas com elevados valores genotípicos (que

estão acima da média geral), descartando-se as famílias com valores genotípicos baixos (OLIVEIRA, 2007; OLIVEIRA et al., 2011)

Alguns estudos recentes mostram importantes resultados na aplicação dos modelos mistos no estudo de famílias. Lucius (2012) mostrou que o procedimento BLUPIS, comparado com a seleção massal, possibilitou elevada eficiência em identificar maior número de clones promissores visando aumento de produtividade. Oliveira (2007) identificou famílias com elevados valores genotípicos dos cruzamentos, mostrando que o emprego destes modelos aumenta a probabilidade da seleção de clones elites.

No presente estudo novas variedades foram estudadas, sendo elas RB946903, RB996963 e RB966928. Foram utilizados menos genitores e maior número de combinações entre eles, afim de explorar o potencial produtivo destas variedades através de cruzamentos com variedades novas e antigas. Levando-se em consideração a importância que a produção de bioenergia através de fibras vegetais ganhou nos últimos anos, avaliou-se também o teor de fibras das famílias utilizadas, concomitantemente com caracteres relacionados à produção agrícola.

O objetivo deste trabalho foi: a) estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos em 45 famílias de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) via método REML/BLUP; b) estimar os valores de herdabilidade e acurácia; c) identificar o número de famílias com elevado valor genotípico e o número de indivíduos indicados para a seleção, pelo método BLUP individual simulado para a variável TCH; d) identificar e selecionar genitores com elevado potencial genético para futuros cruzamentos através do procedimento BLUP, da série RB12.

3.4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento de famílias de irmãos completos da série RB12 foi conduzido a campo, nos anos agrícolas de 2012 a 2014, na Estação Experimental de Paranaíba, do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná, localizada no Município de Paranaíba, região noroeste do Estado do Paraná, localizada à 23°34'02,75" Sul e 52°38'53,87" Oeste, com altitude média de 450m.

De acordo com a classificação de Köppen, o clima da região é caracterizado como Clima subtropical (Cfa), com temperatura média no mês mais frio inferior a 18°C (mesotérmico) e temperatura média no mês mais quente superior a 22°C, com verões quentes, geadas pouco frequentes e tendência de concentração das chuvas nos meses de verão, entretanto não apresenta estação seca definida (IAPAR, 2016).

As sementes utilizadas neste trabalho foram oriundas de cruzamentos realizados na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas (UFAL), localizada a 09°13' S e 35°50' W, no Município de Murici, Estado do Alagoas, com altitudes variando entre 450 e 500m. Estes cruzamentos foram efetuados no ano de 2012, entre os meses de abril e junho e correspondem à série RB12.

Foram utilizadas 45 famílias (TABELA 1) obtidas a partir de 17 genitores diferentes (TABELA 2), selecionados de acordo com as suas características agrônômicas e genéticas. Estes cruzamentos são denominados de biparentais ou simples, pois ocorrem através de condições controladas, onde são conhecidos os genitores masculino e feminino de cada cruzamento.

Após a coleta das sementes estas foram acondicionadas em embalagens e enviadas para a Estação Experimental de Paranaíba, do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar (PMGCA), da Universidade Federal do Paraná (UFPR). Após o recebimento das embalagens fez-se a semeadura no dia 30 de julho em bandejas plásticas com substrato, colocando-se 3 gramas de sementes por bandeja para a germinação, em estufa, com temperatura média de 29°C, por uma semana.

Depois da emergência, as bandejas foram retiradas das estufas para a aclimação das mudas durante duas semanas. Posteriormente as mudas foram transplantadas individualmente para bandejas de isopor, com 128 células.

TABELA 1. Relação dos cruzamentos biparentais, com os respectivos genitores masculino e feminino, da série RB12, Paranavaí, PR, 2016.

Nº	Genitor Feminino	Genitor Masculino	Nº	Genitor Feminino	Genitor Masculino
1	RB72454	RB011681	24	RB987935	RB966928
2	RB965518	RB011681	25	RB996963	RB966928
3	RB011681	RB72454	26	CP72-2086	RB966928
4	NA56-79	RB72454	27	TUC77-42	RB966928
5	RB946903	RB855156	28	RB966229	RB975932
6	RB966928	RB855589	29	RB966928	RB975932
7	RB946903	RB867515	30	RB987935	RB975932
8	RB966928	RB867515	31	RB855156	RB987935
9	RB987935	RB867515	32	RB946903	RB987935
10	RB855156	RB946903	33	RB966928	RB987935
11	RB867515	RB946903	34	RB867515	RB996961
12	RB987935	RB946903	35	RB966229	RB996961
13	RB996963	RB946903	36	RB966928	RB996961
14	RB867515	RB965518	37	RB996963	RB996961
15	RB966928	RB965518	38	RB946903	RB996963
16	RB72454	RB965902	39	RB966229	RB996963
17	RB996963	RB966229	40	RB966928	RB996963
18	RB855589	RB966928	41	RB72454	NA56-79
19	RB867515	RB966928	42	RB855156	NA56-79
20	RB975932	RB966928	43	RB946903	NA56-79
21	RB72454	RB011681	44	RB966229	NA56-79
22	RB965518	RB011681	45	RB965902	CP72-2086
23	RB011681	RB72454			

TABELA 2. Relação dos genitores e número de vezes que apareceram como progenitores femininos e masculinos, série RB12, em Paranavaí, PR, 2016

Nº	Genitores	F	M	TOTAL	Nº	Genitores	F	M	TOTAL
1	CP72-2086	1	2	3	10	RB965902	1	1	2
2	NA56-79	1	4	5	11	RB966229	4	1	5
3	RB011681	1	2	3	12	RB966928	9	8	17
4	RB72454	3	2	5	13	RB975932	1	3	4
5	RB855156	3	1	4	14	RB996961	0	4	4
6	RB855589	1	1	2	15	RB987935	4	3	7
7	RB867515	4	3	7	16	RB996963	4	3	7
8	RB946903	5	4	9	17	TUC77-42	1	1	2
9	RB965518	2	2	4					

O modelo experimental utilizado foi o de Blocos ao Acaso, com cinco repetições. Fez-se o plantio das plântulas em novembro de 2012. Como bordadura foi utilizado a variedade RB036066.

A unidade experimental foi composta por 20 plantas com cinco repetições por família, dispostas em duas linhas com 10 plantas e espaçadas em 0,5 m entre plantas e 1,40 m entre linhas.

A adubação de plantio utilizada foi de 400 kg ha⁻¹, do formulado 20:25:25, que correspondem a 80 kg ha⁻¹ de N, 100 kg ha⁻¹ de K₂O e 100 kg ha⁻¹ de P₂O₅. A adubação em soca foi de 500 kg ha⁻¹, do formulado 20:0:20, que equivalem de 100 kg de N ha⁻¹ e 100 kg de K₂O ha⁻¹.

Em novembro de 2013 foi realizado o corte da cana planta. A coleta de dados foi realizada em cana soca, no mês de novembro de 2014. A campo foram contados o número de colmos na touceira (NCT) e coletados um colmo representativo de cada touceira de cada família. Posteriormente fez-se a pesagem dos colmos para estimar a massa total das touceiras de cada família (MTT). De posse destes valores, calculou-se a produtividade em tonelada de cana por hectare (TCH) de cada indivíduo dentro da progênie correspondente, utilizando-se a equação:

$$TCH = MTT \times 10000m^2 / EEL \times EEP$$

Onde:

- TCH = Toneladas de colmos por Hectare (Mg ha⁻¹);
- MTT = Mass total da touceira, em kg;
- EEL = Espaçamento entre linhas, em metros;
- EEP = Espaçamento entre plantas, em metros.

Os feixes contendo os colmos foram etiquetados e enviados para o laboratório da Usina de Santa Terezinha, Unidade de Iguatemi, no Município de Iguatemi, Estado do Paraná, onde foram feitas as análises tecnológicas através da metodologia de prensa hidráulica. Essas análises forneceram os valores percentuais de açúcares totais recuperáveis (ATR), Pol e fibras dos cruzamentos. Através deles foram estimadas as seguintes variáveis:

- Produtividade de Pol por Hectare (TPH), através da fórmula:

$$TPH = TCH \times POL/100$$

- Produtividade de toneladas de açúcares totais recuperáveis (TATR), através da fórmula:

$$TATR = TCH \times \%ATR$$

- Produtividade de toneladas de fibra por hectare (TFH), através da equação:

$$TFH = TCH \times FIBRAS/100$$

Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, onde o REML (máxima verossimilhança restrita) estimou os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genéticos aditivos dos cruzamentos (Vgc), sendo estimado o efeito genotípico das progênies. Para a seleção de famílias adotou-se o modelo 147, utilizado para o delineamento em blocos ao acaso, para irmãos germanos, uma safra e um local, considerando o modelo estatístico a seguir:

$$y = Xr + Zg + Wp + e$$

Onde y é o vetor de dados, r é o vetor de efeito da repetição (considerado fixo), g é o vetor de efeitos genotípico individual (assumido como aleatório), p é o vetor de efeito de parcela e e é o vetor dos efeitos residuais (ou erro), assumido como aleatório. As letras maiúsculas (X , Z e W) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os parâmetros genéticos estimados foram: variância genotípica entre progênies de irmãos-germanos (σ^2_g), variância ambiental entre parcelas (σ^2_{parc}), variância residual dentro de parcela (σ^2_{dentro}), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}^2_a), Estimativas dos coeficientes de variância genotípica entre progênies de irmãos-germanos (σ^2_g), variância ambiental entre parcelas (σ^2_{parc}), variância residual dentro de parcela (σ^2_{dentro}), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}^2_a), coeficiente de determinação de efeito de parcelas (c^2_{parc}), herdabilidade da média da progênie no sentido amplo (\hat{h}^2_{mp}), acurácia da seleção de progênies (Ac_{prog}) e média geral.

Posteriormente foi aplicado o procedimento BLUP individual simulado (RESENDE e BARBOSA, 2006) para a variável de produtividade TCH, afim de identificar o número de indivíduos dentro de cada progênie que deverão passar para a fase T2. A partir dos valores médios dos efeitos genotípicos (g), foram estimados os valores de efeito genotípico relativo entre as progênies, considerando-se os cruzamentos acima da média, utilizando a fórmula gj/gi , onde gi representa o efeito genotípico da melhor progênie e gj o efeito da família j . Considerando-se que 50 indivíduos devem ser selecionados na família com o maior efeito genotípico ($nk=50$), o número de genótipos selecionados nas outras famílias (ni) é estimado por $ni = gi/g1 \times 50$ (RESENDE e BARBOSA, 2006).

Para a seleção dos genitores foi considerado o modelo 33, do programa SELEGEN (RESENDE, 2002a), descrito para o delineamento em blocos ao acaso, para irmãos germanos, várias plantas por parcela, genitores não aparentados, o qual considera o modelo estatístico a seguir:

$$y = Xr + Za + Wp + Tf + e$$

Nessa equação y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os efeitos adotados nesse modelo.

3.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Conforme os resultados expostos na TABELA 3 é possível observar que a herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}^2_a) foi de baixa magnitude para todas as variáveis estudadas (NCT, MTT, TPH, TCH, TATR e TFH). Oliveira (2007), Oliveira et al. (2011) e Lucius et al. (2014) relataram que o conhecimento dos parâmetros genéticos é de suma importância para o melhorista, sendo que um dos mais importantes é a herdabilidade (h^2). Santos et al. (1995) citam que este conhecimento possibilita antever a possibilidade de sucesso no melhoramento, uma vez que ela reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada.

Resende (2002b) afirma que, por meio do conhecimento da herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}^2_a), pode-se adotar melhor estratégia na seleção de progênes oriundas de cruzamentos biparentais. Quando um caractere apresenta um valor alto ($\hat{h}^2_a > 0,50$) a seleção individual já seria suficiente, pois praticamente não haveria vantagem na aplicação dos estudos de família. Nesta condição, a seleção massal ou individual dos indivíduos já apresentaria acurácia elevada (maior que 70%). Portanto é possível concluir que a seleção de famílias pode ser a mais adequada para estes 45 cruzamentos, considerando-se valores de herdabilidade individual no sentido restrito observados no presente estudo (\hat{h}^2_a).

De acordo com Resende e Duarte (2007) os valores de acurácia seletiva da seleção de famílias (Acfam) obtidos neste estudo podem ser considerados como muito altos para as variáveis MTT (96,03%), TCH (96,15%), TPH (96,33%), TATR (96,32%) e TFH (95,51%) e alto para a variável NCT (89,51%).

Uma possível explicação para os elevados valores de Acurácia encontrados no presente estudo é a maior repetibilidade dos cruzamentos aplicada entre os genitores. Pode-se afirmar, portanto, que aumentar o número de cruzamentos com um genitor e reduzir o número de genitores pode fornecer resultados mais representativos, expressos na forma de elevadas acurácias.

Ao serem selecionadas famílias com valores genotípicos superiores (V_{gc}), estar-se-á selecionando famílias promissoras capazes de produzir genótipos mais produtivos e com características agronômicas e industriais desejáveis (LUCIUS, 2012; LUCIUS et al., 2014).

TABELA 3. Estimativas dos coeficientes de variância genotípica entre progênies de irmãos-germanos (σ^2_g), variância ambiental entre parcelas (σ^2_{parc}), variância residual dentro de parcela (σ^2_{dentro}), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}^2_a), coeficiente de determinação de efeito de parcelas (c^2_{parc}), herdabilidade da média da família no sentido amplo (\hat{h}^2_{mf}), acurácia da seleção de progênies (Ac_{prog}), herdabilidade aditiva dentro de parcela (\hat{h}^2_{ad}), acurácia da seleção de famílias (Ac_{fam}) e média geral, para os caracteres: número de colmos por touceira (NCT) massa total da touceira (MTT), toneladas de colmos por hectare (TCH), tonelada de pol (TPH) por hectare, tonelada de açúcares totais recuperáveis (TATR) e tonelada de fibra por hectare (TFH) de 45 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB12. Curitiba, PR, 2016.

Parâmetros	NCT	MTT	TCH	TPH	TATR	TFH
σ^2_g	1,127105	1,626226	343,893016	9,102317	8,670127	6,434851
σ^2_{parc}	0,336011	0,209396	43,020915	1,202243	1,141022	0,946478
σ^2_{dentro}	43,570897	19,556433	3994,885165	95,53748	91,877574	88,122287
σ^2_f	45,034012	21,392056	4381,799096	105,84204	101,688723	95,503615
\hat{h}^2_a	0,050056+-0,0149	0,15204+-0,026	0,156964+-0,0264	0,171998+-0,0276	0,170523+-0,0275	0,134756+-0,0244
c^2_{parc}	0,007461	0,009788	0,009818	0,011359	0,011221	0,00991
\hat{h}^2_{mf}	0,801156	0,922157	0,92448	0,927974	0,927632	0,912226
Ac_{fam}	0,895073	0,96029	0,9615	0,963314	0,963137	0,955105
\hat{h}^2_{ad}	0,025868	0,083156	0,086083	0,095275	0,094366	0,073022
Média Geral	10,004521	6,660563	95,325566	14,775378	14,485884	14,217814

Considerando-se a variável TCH, o valor de acurácia obtido no presente trabalho foi condizente com o observado por Lucius et al. (2014). Avaliando o desempenho de famílias os autores encontraram valor de acurácia seletiva entre famílias de 0,97 para o caractere em questão. Resultado parecido foi encontrado por Silva (2009), que ao estudar o desempenho de famílias de cana-de-açúcar encontrou acurácia seletiva de 0,87 para o caractere TCH. Já Silveira (2014) encontrou valor menor de acurácia (0,76), entretanto este índice pode ser considerado elevado, de acordo com Barbosa e Resende (2006).

Os resultados na TABELA 4 apontam os valores genotípicos dos cruzamentos e a classificação das 45 progênes, com a respectiva média geral (MG) para todas as variáveis estudadas.

Para o caráter TCH a família com o melhor desempenho foi a RB946903 e RB9969631, a qual apresentou produtividade de 133,83 toneladas de colmo por hectare, representando valor de 40,39% acima da MG. Este resultado era esperado, pois uma das principais características da variedade RB946903 é a alta produtividade agrícola (DAROS et al., 2015). Este mesmo cruzamento também apresentou os melhores resultados para TFH e MTT. Para as variáveis TATR e TPH esta família ocupou a segunda colocação, ou seja, além de apresentar boa produtividade de colmos também apresenta riqueza. Já para o caractere NCT esta família ficou com a décima posição, isto é, pode-se afirmar que os clones oriundos desse cruzamento tendem a ter menor número de colmos, mas com maior peso destes.

A segunda melhor família para o caractere TCH foi a RB855156 e RB987935, com valor de 131,43, 37,87 % superior à média geral. Embora a variedade RB855156 seja de média produtividade, a RB987935 apresenta alta produtividade agrícola (DAROS et al., 2015). Por outro lado, a variedade RB855156 apresenta como característica alto teor de sacarose, sendo que este cruzamento apresentou as maiores produtividades de TPH e TATR, tornando este resultado condizente com desempenho desta variedade no campo. O cruzamento RB987935 e RB975932 com Vgc de 123,873 (29,95% maior que a MG) ocupou o terceiro lugar para a produtividade em TCH. Oliveira et al. (2011) avaliou o desempenho de cruzamentos e constatou que a família oriunda do cruzamento RB825458 e RB855156 apresentou o segundo melhor resultado para toneladas de sólidos solúveis. De acordo com Resende e Barbosa (2005) o objetivo principal do melhoramento não é aumentar a heterose, mas sim a média populacional para uma determinada característica. No entanto uma das possíveis explicações para a alta produtividade de alguns cruzamentos é predisposição que destes para a manifestação de um alto grau de heterose, gerando filhos mais vigorosos.

A RB867515 foi a variedade mais importante desenvolvida pelo PLANALSUCAR. As suas características de alta produtividade e alta riqueza tornaram-na a variedade mais cultivada no Brasil (DAROS et al., 2015). O cruzamento RB867515 e RB966928 apresentou o sétimo melhor desempenho para a produtividade em TCH e sexto para TATR e TPH. Mesmo não estando entre as cinco melhores famílias para os caracteres estudados, este cruzamento deve ser melhor explorado.

TABELA 4. Valores genotípicos dos cruzamentos (Vgc) para os caracteres TCH, NCT, MTT, TART, TFH e TPH e classificação (Clas.) dos cruzamentos, Modelo 147, com respectiva média geral. Município de Paranavaí, PR, 2016.

Famílias		TCH		NCT		MTT		TPH		TATR		TFH	
Genit. Fem.	Genit. Masc.	Clas.	Vgc	Clas.	Vgc	Clas.	Vgc	Clas.	Vgc	Clas.	Vgc	Clas.	Vgc
RB946903	RB996963	1	133,83	10	10,60	1	9,34	2	20,25	2	19,89	1	20,00
RB855156	RB987935	2	131,43	1	12,27	2	9,17	1	20,84	1	20,42	2	18,95
RB987935	RB975932	3	123,87	4	11,40	3	8,66	4	19,20	4	18,83	8	16,26
RB946903	RB855156	4	123,57	5	11,26	5	8,17	3	19,92	3	19,46	3	18,58
RB975932	RB966928	5	117,01	2	11,93	4	8,18	5	18,90	5	18,44	4	17,59
NA56-79	RB72454	6	114,77	17	10,18	6	8,03	7	17,50	7	17,19	12	16,09
RB867515	RB966928	7	114,11	28	9,67	7	7,98	6	18,21	6	17,81	5	16,76
RB966928	RB855589	8	113,51	32	9,44	8	7,93	9	17,36	8	17,04	13	16,02
RB946903	NA56-79	9	110,79	9	10,69	9	7,75	14	16,48	14	16,19	11	16,16
RB867515	RB946903	10	110,71	29	9,64	10	7,74	11	17,19	11	16,87	15	15,44
RB966229	RB996961	11	109,92	13	10,33	11	7,69	8	17,36	9	16,98	9	16,17
RB867515	RB996961	12	108,38	21	9,97	12	7,58	10	17,35	10	16,98	14	15,95
RB946903	RB987935	13	106,10	6	11,18	13	7,42	13	16,60	13	16,25	7	16,32
RB966928	RB867515	14	104,78	37	9,28	14	7,33	12	16,87	12	16,50	16	15,27
RB966229	RB975932	15	104,60	8	10,74	15	7,32	18	15,63	18	15,38	10	16,17
RB966229	RB996963	16	103,01	18	10,15	16	7,21	16	16,01	16	15,69	17	15,21
RB987935	RB966928	17	102,51	7	10,79	17	7,17	15	16,19	15	15,82	6	16,43
CP72-2086	RB966928	18	100,48	23	9,94	18	7,03	17	15,87	17	15,53	20	14,18
RB996963	RB946903	19	98,37	24	9,89	19	6,88	20	15,08	20	14,77	18	14,99
RB966928	RB965518	20	98,18	16	10,20	20	6,87	19	15,35	19	15,04	19	14,64
RB966928	RB996961	21	91,39	26	9,82	21	6,40	22	14,24	22	13,96	26	13,28
RB965518	RB011681	22	90,43	30	9,63	22	6,33	23	13,97	23	13,71	21	14,01
RB72454	RB011681	23	90,27	11	10,54	23	6,32	27	13,69	26	13,46	34	12,70
RB966928	RB996963	24	89,85	35	9,35	24	6,29	25	13,86	25	13,59	23	13,49
RB72454	RB965902	25	89,44	41	9,05	25	6,26	21	14,35	21	14,04	30	13,08
RB867515	RB965518	26	88,73	31	9,44	26	6,21	24	13,87	24	13,60	27	13,26
RB996963	RB966229	27	88,05	43	8,81	27	6,16	31	13,17	30	12,95	25	13,47
RB966928	RB975932	28	87,62	15	10,21	28	6,14	26	13,74	27	13,46	28	13,26
RB966928	RB987935	29	87,27	14	10,25	29	6,11	28	13,55	28	13,26	24	13,47
RB855589	RB966928	30	87,20	38	9,17	30	6,11	32	13,13	32	12,90	31	13,05
RB011681	RB72454	31	86,19	25	9,88	31	6,04	29	13,41	29	13,15	35	12,68
RB996963	RB966928	32	85,68	20	10,05	32	6,00	33	13,03	33	12,79	29	13,10
RB996963	RB996961	33	83,36	27	9,79	33	5,84	30	13,20	31	12,91	36	12,35
RB966229	NA56-79	34	82,86	22	9,95	34	5,81	37	12,45	37	12,22	33	12,83
RB855156	RB946903	35	81,42	12	10,44	35	5,70	38	12,20	38	11,97	22	13,49
RB72454	NA56-79	36	80,11	36	9,28	36	5,61	36	12,49	36	12,24	38	11,94
RB965518	RB966928	37	79,76	39	9,16	37	5,59	35	12,63	35	12,37	37	12,06
TUC77-42	RB966928	38	79,69	19	10,11	38	5,58	39	12,04	39	11,81	32	12,92
RB966928	CP72-2086	39	78,20	40	9,15	39	5,48	34	12,64	34	12,40	41	11,41
RB987935	RB946903	40	75,02	44	8,81	40	5,26	42	11,10	41	10,97	44	10,86
RB855156	NA56-79	41	74,91	3	11,41	41	5,25	40	11,44	40	11,23	39	11,88
RB965902	CP72-2086	42	73,38	42	8,81	42	5,14	41	11,17	42	10,97	40	11,82
RB987935	RB867515	43	70,74	45	8,69	44	4,96	44	10,48	43	10,30	42	11,23
RB966928	TUC77-42	44	70,63	33	9,44	43	4,96	45	10,38	45	10,22	43	10,99
RB946903	RB867515	45	67,52	34	9,39	45	4,74	43	10,49	44	10,28	45	9,98
Média Geral		-	95,33	-	10,00	-	6,66	-	14,78	-	14,49	-	14,22

De maneira geral, com base nos resultados da TABELA 4, observa-se grande potencial de produtividade em TCH, TPH e TATR para as variedades RB946903, RB996963, RB855156, RB987935, RB975932, RB966928 e RB867515. Desta forma é possível afirmar que as variedades mais antigas possuem potencial semelhante às mais novas, tendo em vista que o desempenho das famílias nas quais elas participaram dos cruzamentos.

Por outro lado, alguns cruzamentos com estes genitores, destacados pelo bom desempenho para os caracteres estudados, apresentaram resultados muito abaixo da média, como, por exemplo, RB855156 e RB946903, RB855156 e NA56-79, RB987935 e RB867515 e RB966928 e TUC77-42. A família RB946903 e RB867515 apresentou a menor produtividade em TCH. Este resultado não era esperado, tendo em vista o potencial destas duas variedades. Nestas situações a explicação mais provável é que estes cruzamentos apresentaram alto grau de homozigose. Analisando-se o desempenho destes cruzamentos pode-se afirmar que futuramente estas combinações devem ser evitadas, pois há grande probabilidade de que os filhos destes cruzamentos tenham desempenho abaixo da média populacional.

Conforme os resultados expostos na TABELA 5, observa-se que 20 das 45 progênes apresentaram efeito genotípico positivo para a variável TCH. Somando-se os valores de n_k , obtidos a partir dos coeficientes, o número total de indivíduos a serem selecionados para a fase T2 é de 420 para o aumento de produtividade em TCH. As 25 famílias com efeitos genotípicos negativos são automaticamente eliminadas, pois a probabilidade de que exista um clone elite, com potencial de ser selecionado, é muito baixa.

O valor n_k representado por 50 indivíduos a serem selecionados na melhor progênie é apontado como o mais adequado por Resende e Barbosa (2006). Os autores estimam que, utilizando-se este valor, a representatividade da família estaria próximo de 98%. Eles ainda comentam que elevar este valor acresceria muito pouco à representatividade da família e aumentaria muito o número de indivíduos a serem selecionados. Consequentemente, há maior probabilidade de que genótipos de menor potencial sejam levados às fases seguintes em um programa de melhoramento, de forma desnecessária.

O número de indivíduos a serem selecionados nas cinco melhores famílias, quando somados, representam 47,39% do total (420 clones). Resultado parecido foi obtido por Oliveira et al. (2011), que estudando o desempenho de famílias de cana-de-

açúcar, observou que as cinco melhores famílias representaram 45% do total de indivíduos a serem selecionados pela metodologia BLUPIS. Já para Lucius et al. (2014) as cinco melhores famílias 65% do total de indivíduos a serem selecionados. Fica evidenciado, portanto, que as primeiras cinco melhores famílias contribuem com valores próximos ou superiores a 50% do total de novos genótipos selecionados aplicando-se esta metodologia.

TABELA 5. Efeito genotípico (g), efeito genotípico relativo (g_{relativo}) e número de indivíduos a serem selecionados (n_k) das 45 progênies de irmãos completos de cana-de-açúcar e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k), via metodologia BLUPIS para a variável TCH. Município de Paranavaí, PR, 2016.

Class.	Famílias		g	g_{relativo}	n_k
	Genitor Fem.	Genitor Masc.			
1	RB946903	RB996963	38,5039	1	50
2	RB855156	RB987935	36,1032	0,938	47
3	RB987935	RB975932	28,5477	0,741	37
4	RB946903	RB855156	28,2436	0,734	37
5	RB975932	RB966928	21,6838	0,563	28
6	NA56-79	RB72454	19,4425	0,505	25
7	RB867515	RB966928	18,7878	0,488	24
8	RB966928	RB855589	18,1881	0,472	24
9	RB946903	NA56-79	15,4653	0,402	20
10	RB867515	RB946903	15,3816	0,399	20
11	RB966229	RB996961	14,5909	0,379	19
12	RB867515	RB996961	13,0577	0,339	17
13	RB946903	RB987935	10,776	0,28	14
14	RB966928	RB867515	9,4521	0,245	12
15	RB966229	RB975932	9,2765	0,241	12
16	RB966229	RB996963	7,6891	0,2	10
17	RB987935	RB966928	7,1816	0,187	9
18	CP72-2086	RB966928	5,1556	0,134	7
19	RB996963	RB946903	3,0423	0,079	4
20	RB966928	RB965518	2,8578	0,074	4
21	RB966928	RB996961	-3,9356	-	-
22	RB965518	RB011681	-4,8961	-	-
23	RB72454	RB011681	-5,0525	-	-
24	RB966928	RB996963	-5,4747	-	-
25	RB72454	RB965902	-5,8806	-	-
26	RB867515	RB965518	-6,6	-	-
27	RB996963	RB966229	-7,2729	-	-
28	RB966928	RB975932	-7,7074	-	-
29	RB966928	RB987935	-8,0573	-	-
30	RB855589	RB966928	-8,1279	-	-
31	RB011681	RB72454	-9,1373	-	-
32	RB996963	RB966928	-9,6416	-	-
33	RB996963	RB996961	-11,967	-	-
34	RB966229	NA56-79	-12,469	-	-
35	RB855156	RB946903	-13,909	-	-
36	RB72454	NA56-79	-15,216	-	-

37	RB965518	RB966928	-15,563	-	-
38	TUC77-42	RB966928	-15,635	-	-
39	RB966928	CP72-2086	-17,129	-	-
40	RB987935	RB946903	-20,308	-	-
41	RB855156	NA56-79	-20,417	-	-
42	RB965902	CP72-2086	-21,942	-	-
43	RB987935	RB867515	-24,585	-	-
44	RB966928	TUC77-42	-24,697	-	-
45	RB946903	RB867515	-27,806	-	-
Total	-	-	-	-	420

TABELA 6. Componentes de média BLUP obtidos através do modelo 33 (a = efeito genético aditivo, u+a = valor genético aditivo e ganho genético em %) para os 17 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais, para os caracteres agrônômicos número de colmos por touceira (NCT), massa total da touceira (MTT) e tonelada de colmos por hectare (TCH). Município de Paranavaí, PR, 2016.

Class.	Genitor	NCT			MTT				TCH			
		a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	RB855156	2,103	12,108	21,02	RB975932	0,958	7,619	14,38	RB975932	13,607	108,933	14,27
2	RB975932	1,338	11,343	13,37	RB987935	0,467	7,128	7,01	RB855156	7,143	102,469	7,49
3	RB987935	1,134	11,139	11,33	RB855156	0,394	7,055	5,92	RB946903	6,459	101,785	6,78
4	NA56-79	0,344	10,349	3,44	RB946903	0,393	7,054	5,90	RB987935	6,258	101,584	6,56
5	RB996961	0,221	10,226	2,21	RB996961	0,361	7,022	5,42	RB996961	5,074	100,400	5,32
6	RB946903	0,144	10,149	1,44	RB855589	0,277	6,938	4,16	RB855589	3,9	99,226	4,09
7	RB011681	0,027	10,032	0,27	RB996963	0,12	6,781	1,80	RB996963	1,421	96,747	1,49
8	RB965518	-0,238	9,767	-2,38	RB966229	0,068	6,729	1,02	RB966229	0,888	96,214	0,93
9	RB966229	-0,242	9,763	-2,42	RB72454	-0,032	6,629	-0,48	RB72454	-0,547	94,779	-0,57
10	RB966928	-0,297	9,708	-2,97	RB867515	-0,069	6,592	-1,04	RB867515	-1,272	94,054	-1,33
11	TUC77-42	-0,331	9,674	-3,31	RB966928	-0,16	6,501	-2,40	RB966928	-2,456	92,870	-2,58
12	RB72454	-0,388	9,617	-3,88	NA56-79	-0,195	6,466	-2,93	RB965518	-3,084	92,242	-3,24
13	RB996963	-0,444	9,561	-4,44	RB965518	-0,21	6,451	-3,15	NA56-79	-3,176	92,150	-3,33
14	RB855589	-0,663	9,342	-6,63	RB011681	-0,333	6,328	-5,00	RB011681	-4,856	90,470	-5,09
15	CP72-2086	-0,676	9,329	-6,76	CP72-2086	-0,532	6,129	-7,99	CP72-2086	-7,689	87,637	-8,07
16	RB965902	-0,855	9,150	-8,55	RB965902	-0,57	6,091	-8,56	RB965902	-8,223	87,103	-8,63
17	RB867515	-1,176	8,829	-11,75	TUC77-42	-0,938	5,723	-14,08	TUC77-42	-13,448	81,878	-14,11
MG			10,005				6,661				95,326	

A identificação de progênes superiores à média geral é muito importante em um programa de melhoramento. Da mesma forma que a identificação de famílias superiores à média geral é muito importante, descartar famílias de baixo potencial em um programa de melhoramento é crucial. Dessa forma economiza-se em tempo e recursos, ou seja, famílias com efeitos genotípicos negativos são eliminadas automaticamente, por estarem abaixo da média geral do experimento. Resende e Barbosa (2006) comentam que a obtenção de clones superiores por meio da seleção nestas famílias é muito improvável.

Dentre os dezessete genitores utilizados nos cruzamentos, sete deles apresentaram efeito genético positivo para a variável NCT, sendo eles, respectivamente, RB855156, RB975932, RB987935, NA56-79, RB996961, RB946903 e RB011681 (TABELA 6). Caso eles sejam utilizados como progenitoras em futuros cruzamentos, poderão contribuir com um ganho percentual médio de 7,58% para esta variável. O melhor genitor foi a variedade RB855156, com valor genético aditivo estimado em 2,103, o qual representa 21,02% de ganho genético em comparação com a média geral. Ele foi utilizado três vezes como genitor feminino e uma vez como masculino (TABELA 2). Conforme a TABELA 4, é possível observar que o cruzamento RB855156 e RB987935 foi um dos melhores, sendo que a variedade RB987935 aparece como segundo melhor genitor para a variável NCT. Esta mesma variedade aparece em primeiro colocado (TABELA 4) para os caracteres NCT (com Vgc de 12,27), TPH (com Vgc de 20,84) e TATR (com Vgc de 20,42) e para as outras três variáveis ele ocupou a segunda colocação (TABELA 7). Portanto, é possível afirmar que o cruzamento entre genitores com características genotípicas superiores aumenta a chance de se obter famílias com valor genotípico acima da média geral. Conseqüentemente, a chance de se obter clones elites em um programa de melhoramento é maior. Fica evidente que a variedade RB987935 apresenta um grande potencial de contribuição genética, considerando o fato de estar em primeiro lugar para ganho genético em três das seis variáveis estudadas.

Ao analisar os resultados de Vgc para o cruzamento RB855156 e NA56-79 (TABELA 4), é possível observar o efeito negativo que um genitor com baixo percentual de ganho genético causa no desempenho de uma progênie. O progenitor NA56-79 mostrou-se abaixo da média de ganho genético para cinco variáveis (MTT, TCH, TATR, TFH, TPH) e isto teve interferência direta nos valores genotípicos para estes mesmos cinco caracteres da progênie, pois estiveram muito abaixo da média geral (ficando entre os cinco últimos colocados). O mesmo foi observado por Lucius (2012), que em estudo de famílias de cana-de-açúcar, evidenciou participação genética deletéria de progenitores com baixos valores de ganho genético em cruzamento com outras variedades com ganhos acima da média. O único ganho genotípico acima da média geral que a variedade NA56-79 apresentou na seleção de genitores foi para a variável NCT. Isso repercutiu positivamente no cruzamento RB855156 e NA56-79, onde o Vgc para a variável ficou em terceiro lugar. Bastos et al. (2003) observaram que alguns genitores que apresentaram efeito gênico positivo para a variável número de colmos, tiveram efeito diferente para a variável massa de colmo. Oliveira (2007) também evidenciou esse comportamento em

alguns genitores. O variedade TUC77-42 também apresentou baixo potencial como genitor, pois ficou em para cinco dos seis caracteres avaliados. Isso foi evidenciado pelo baixo desempenho dos cruzamentos TUC77-42 e RB966928 e o RB966928 e TUC77-42 (TABELA 4).

Para a variável MTT, oito genitores apresentaram percentual de ganho genético positivo, representando média de 5,7% superior ao ganho médio (6,66) para este caractere. A variável MTT é uma das mais importantes dentro de um programa de melhoramento, pois, selecionando-se progenitores com efeitos gênicos positivos, potencialmente aumentará a probabilidade de se obter um clone elite em uma progênie, pois os indivíduos da família terão grandes chances de apresentarem médias superiores para a produtividade de colmos. Os resultados para os melhores genitores considerando-se a variável TCH foram muito parecidos com os resultados de MTT, uma vez que os valores de TCH utilizados no estudo foram calculados com base nesses valores.

Considerando-se as variáveis TPH e TATR, as 17 posições ocupadas por estas progênies foram as mesmas para essas duas variáveis. As nove primeiras apresentaram efeito genético aditivo positivo, sendo elas, RB975932, RB855156, RB996961, RB987935, RB946903, RB855589, RB867515, RB72454 e RB996963, respectivamente. Considerando-se a média destes genitores, a utilização desses genótipos futuramente poderá incrementar a os valores médios das progênies em 5,11% para TPH e 5,09% para TATR.

TABELA 7. Componentes de média BLUP obtidos através do modelo 33 (a = efeito genético aditivo, u+a = valor genético aditivo e ganho genético em %) para os 17 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais, para os caracteres tonelada de Pol% por hectare (TPH), tonelada de açúcares totais recuperáveis (TATR) e tonelada de fibra por hectare (TFH). Município de Paranavaí, PR, 2016.

Class.	Genitor	TPH			TATR				TFH			
		a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)	Genitor	a	u+a	Ganho (%)
1	RB975932	2,176	16,951	14,73	RB975932	2,128	16,614	14,69	RB975932	1,662	15,880	11,69
2	RB855156	1,347	16,122	9,12	RB855156	1,299	15,785	8,97	RB855156	1,565	15,783	11,01
3	RB996961	1,124	15,899	7,61	RB996961	1,074	15,560	7,41	RB946903	1,130	15,348	7,95
4	RB987935	0,911	15,686	6,17	RB987935	0,9	15,386	6,21	RB987935	0,877	15,095	6,17
5	RB946903	0,757	15,532	5,12	RB946903	0,757	15,243	5,23	RB996961	0,504	14,722	3,54
6	RB855589	0,344	15,119	2,33	RB855589	0,357	14,843	2,46	RB966229	0,418	14,636	2,94
7	RB867515	0,085	14,860	0,58	RB867515	0,07	14,556	0,48	RB996963	0,362	14,580	2,55
8	RB72454	0,028	14,803	0,19	RB72454	0,029	14,515	0,20	RB855589	0,259	14,477	1,82
9	RB996963	0,018	14,793	0,12	RB996963	0,025	14,511	0,17	RB966928	-0,192	14,026	-1,35
10	RB966229	-0,047	14,728	-0,32	RB966229	-0,033	14,453	-0,23	RB965518	-0,295	13,923	-2,07
11	RB966928	-0,108	14,667	-0,73	RB966928	-0,137	14,349	-0,95	RB867515	-0,485	13,733	-3,41

12	RB965518	-0,401	14,374	-2,71	RB965518	-0,391	14,095	-2,70	NA56-79	-0,539	13,679	-3,79
13	NA56-79	-0,799	13,976	-5,41	NA56-79	-0,766	13,720	-5,29	RB72454	-0,628	13,590	-4,42
14	RB011681	-0,832	13,943	-5,63	RB011681	-0,808	13,678	-5,58	RB011681	-0,748	13,470	-5,26
15	CP72-2086	-1,049	13,726	-7,10	CP72-2086	-1,028	13,458	-7,10	RB965902	-0,955	13,263	-6,72
16	RB965902	-1,182	13,593	-8,00	RB965902	-1,166	13,320	-8,05	CP72-2086	-1,311	12,907	-9,22
17	TUC77-42	-2,373	12,402	-16,06	TUC77-42	-2,309	12,177	-15,94	TUC77-42	-1,624	12,594	-11,42
MG			14,775			14,486				14,218		

A identificação de genitores com valores genotípicos superiores para a variável TFH recebeu importante foco nos últimos anos. Com a possibilidade de exploração da produção de etanol a partir de fibras vegetais, a identificação de genótipos de cana-de-açúcar com maiores teores de fibra podem contribuir para o desenvolvimento de variedades mais rústicas e que atendam as demandas atuais e futuras do setor sucroenergético (MATSUOKA et al., 2014; SILVEIRA, 2014), além de auxiliar na possibilidade de identificação de progênies com duplo propósito, tanto para a produção de açúcar/etanol (variedades comerciais atuais) como para a produção de fibras (variedades de cana energia).

Para a variável TFH, os genitores com efeitos genéticos positivos foram RB975932, com efeito genético aditivo (a) de 1,662, representando ganho de 11,69%, RB855156, com a de 1,565, representando ganho de 11,01%, RB946903, com a de 1,130, representando ganho de 7,95%, RB987935 com a de 0,877, representando ganho de 6,17%, RB996961 com a de 0,504, representando ganho de 3,54%, RB966229, com a de 0,418, representando ganho de 2,94%, RB996963, com a de 0,362, representando ganho de 2,55% e RB855589, com a de 0,259, representando ganho de 1,82%.

A variedade RB975932 aparece em primeiro lugar em ganho genético (u+a) para cinco das seis variáveis estudadas, mostrando ter grande potencial genético. Dentre todos os genitores avaliados, ela apresentou maior efeito genético aditivo para o maior número de caracteres. Portanto, o emprego desta variedade futuramente para a obtenção de progênies com valores genotípicos superiores, potencialmente aumentará as chances de seleção e identificação de clones elites.

3.6 CONCLUSÕES

A utilização dos modelos mistos REML/BLUP permitiu estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos no presente estudo.

O emprego da seleção de progênes foi justificado pela observância de coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}^2_a) de baixa magnitude.

Em função dos valores elevados de acurácia da seleção de progênes ($A_{C_{prog}}$), pode-se afirmar que a seleção das famílias pode ser considerada efetiva para todos os caracteres estudados.

A seleção de famílias por meio da utilização dos modelos mistos REML/BLUP pode ser uma estratégia importante para identificar cruzamentos com elevados valores genotípicos nos programas de melhoramento, podendo aumentar a probabilidade de seleção de clones elite.

As novas variedades estudadas apresentaram potencial semelhante às variedades mais antigas cruzamentos, tanto para a identificação de famílias como na seleção de genitores.

Das 45 famílias estudadas para a variável TCH, vinte delas apresentaram efeitos genotípicos positivos. A metodologia BLUPIS indicou um total de 420 indivíduos a serem selecionados para a fase T2 para esta variável. As cinco melhores famílias para este caractere foram RB946903 e RB996963, RB855156 e RB987935, RB987935 e RB975932, RB946903 e RB855156 e RB975932 e RB966928.

Na seleção de genitores as variedades RB855156, RB946903, RB975932, RB987935 e RB996961 apresentaram efeitos genéticos aditivos positivos para todas as variáveis estudadas. A variedade RB975932 foi a primeira colocada para cinco dos seis caracteres avaliados. Estes genitores podem ser utilizados em cruzamentos futuros, dado o elevado potencial destas variedades.

As variedades RB867515 e RB966928 apresentaram resultados elevados para as características estudadas. Embora não tenham ocupado as primeiras posições, pode-se realizar cruzamentos futuros com estes materiais, afim de explorar o seu grande potencial produtivo.

3.7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, n. 4, 443-450p., 2005.

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DA SILVA, F. L. e DE FIGUEREIDO, I. C. L. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.4. 218-226p., 2004.

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

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar Brasília, DF**: Embrapa Informação Tecnológica; Jaguariúna: Embrapa Meio Ambiente, 307p., 2004.

COSTA, K. D. S.; CARVALHO, I. D. E.; SILVA, J. W.; CUNHA, J. L. X. L.; SILVA, J.; TEIXEIRA, J. S. Escolha de famílias em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Agronegócio Científica no Semiárido**. V. 9, n. 1, 07- 13p., 2013.

IAPAR, INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. **Cartas climáticas do Estado do Paraná**. Londrina-PR: IAPAR, 2016.

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.

LUCIUS, A. S. F.; **Avaliação de famílias de cana-de-açúcar via REML/BLUP visando aumento de produtividade**. 2012. 68p. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

LUCIUS, A. S. F.; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.; VERISSIMO, M. A. A. Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via REML/BLUP. **Semina: Ciências Agrárias, Londrina**, v. 35, n. 1, 101-112p., 2014.

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

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, 1-13p., 2014.

OLIVEIRA, R. A. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. 142p., 2007. Tese (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; DE SOUZA, T. R.; FERNANDEZ LUCIUS, A. S. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 70, n. 4, 1-5p., 2011.

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

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

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

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

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

SANTOS, C. A. F.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, C. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Parâmetros genéticos e seleção indireta em progênies F6 de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.), (Merril)). **Revista Ceres**, v. 42, n. 240, p. 155-166, 1995.

SILVEIRA, L. C. I. **Melhoramento genético da cana-de-açúcar para obtenção de cana energia**. 84p., 2014. Tese (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

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**, Kunraghat, v. 13, n.1, p. 36-41, 2011.