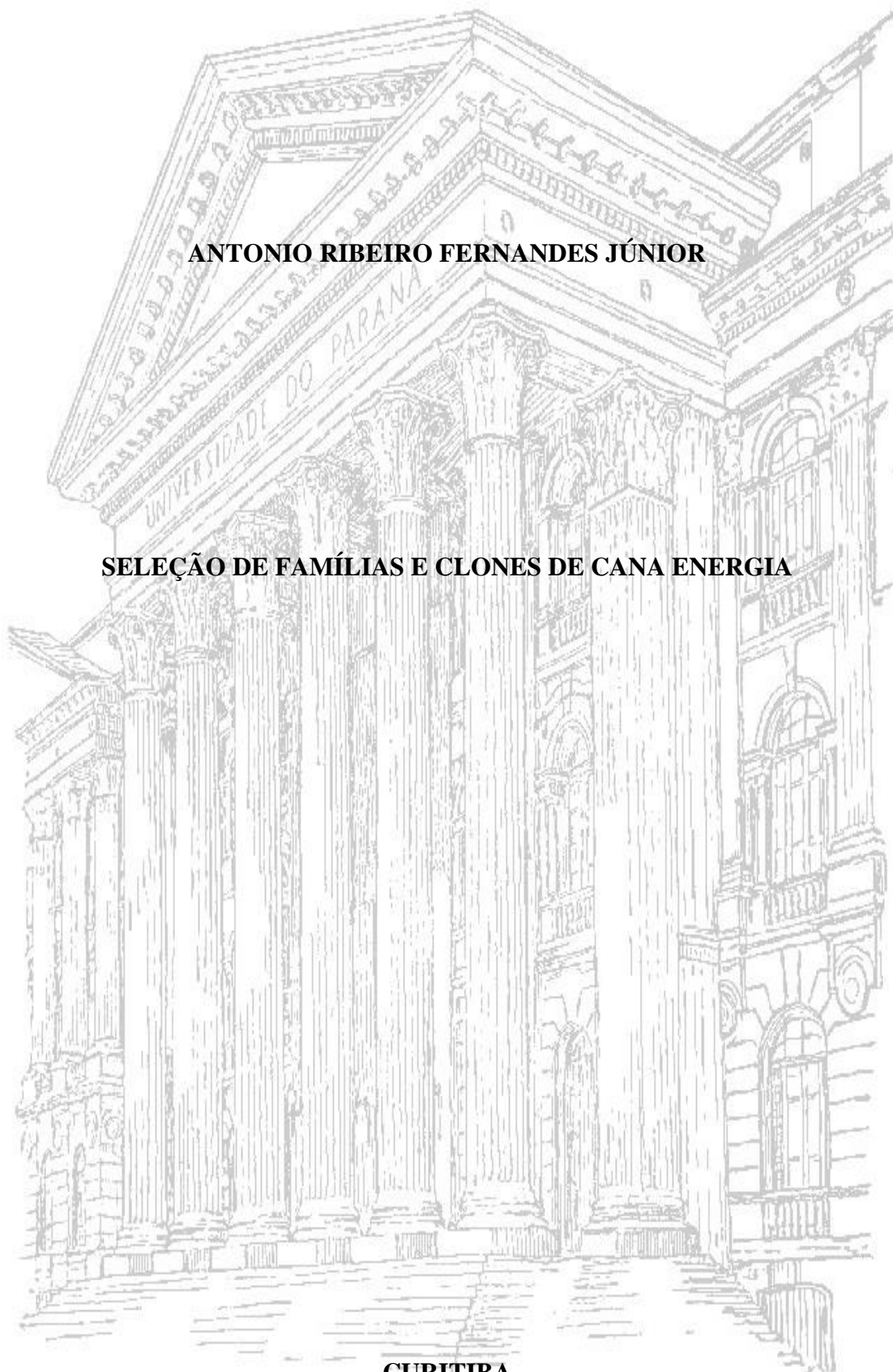


UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

ANTONIO RIBEIRO FERNANDES JÚNIOR

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE CANA ENERGIA



CURITIBA

2017

ANTONIO RIBEIRO FERNANDES JÚNIOR

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES 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. Bruno Portela Brasileiro

Co-orientador: Prof. Dr. Edelclaiton Daros

Co-orientador: Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira

CURITIBA

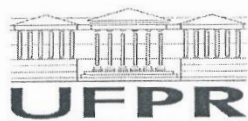
2017

F363 Fernandes Júnior, Antonio Ribeiro
Seleção de famílias e clones de cana energia / Antonio Ribeiro
Fernandes Júnior. Curitiba: 2017.
76 f. il.

Orientador: Bruno Portela Brasileiro
Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Paraná. Setor de
Ciências Agrárias. Programa de Pós - Graduação em Agronomia –
Produção Vegetal.

1. Cana-de-açúcar – Melhoramento genético. 2. Energia da
biomassa. 3. Bioenergia. I. Brasileiro, Bruno Portela. II. Universidade
Federal do Paraná. Setor de Ciências Agrárias. Programa de Pós –
Graduação em Agronomia – Produção Vegetal. III. Título.

CDU 633.61: 620.95



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
Setor CIÊNCIAS AGRÁRIAS
Programa de Pós-Graduação AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL)

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL) da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da tese de Doutorado de **ANTONIO RIBEIRO FERNANDES JUNIOR** intitulada: **SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE CANA ENERGIA**, após terem inquirido o aluno e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO.

Curitiba, 08 de Março de 2017.


BRUNO PORTELA BRASILEIRO

Presidente da Banca Examinadora (UFPR)


HERMANN PAULO HOFFMANN

Avaliador Externo (UFSCAR)


HUGO ZENI NETO

Avaliador Externo (UEM)


RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA

Avaliador Interno (UFPR)


EDELCLAITON DAROS

Avaliador Interno (UFPR)

A Deus,

A minha querida mãe Maria Ângela Ribeiro Fernandes e ao

Meu pai Antonio Ribeiro Fernandes

Dedico

“O que prevemos raramente ocorre; o que menos esperamos geralmente acontece”.

Benjamin Disraeli

Aos meus irmãos e sobrinhos.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

A **Deus**, por iluminar o meu caminho, por me dar esperança e pela minha vida.

Ao **Prof. Dr. Bruno Portela Brasileiro**, pela orientação e amizade, pelos ensinamentos e pela constante motivação para alcançar este objetivo.

Ao **Prof. Dr. Edelclaiton Daros**, pela amizade e co-orientação, pelo incentivo e por ter possibilitado a realização desse curso; minha eterna gratidão.

Ao **Prof. Dr. Hermann Paulo Hoffmann**, pela amizade e pelas orientações não apenas científicas, mas também de vida e pelo apoio que possibilitou a conclusão desse curso; minha eterna gratidão.

Ao **Dr. Ricardo Augusto de Oliveira**, pela co-orientação e amizade e pelos ensinamentos no desenvolvimento deste trabalho.

Aos Professores da UFPR: **Dr. João Carlos Bessalhok Filho** e **Dr. José Luis Camargo Zambom**, pelas contribuições dadas ao longo do curso.

Aos Professores da UFSCar: **Dra. Monalisa Sampaio Carneiro** e **Dr. Rodrigo Gazaffi**.

Ao Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR/RIDESA), que através da Estação Experimental de Paranavaí, possibilitou a geração de todos os resultados deste trabalho.

Aos Engenheiros agrônomos: **Dr. Heroldo Weber** e **MSc. Guilherme Berton**, da Estação Experimental de Paranavaí.

Aos técnicos, auxiliares de pesquisa e de campo da Estação Experimental de Paranavaí, pelo apoio na implantação e tomada de dados do experimento, além da amizade e consideração.

Ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal de São Carlos (PMGCA/UFSCar/RIDESA), que possibilitou a conclusão deste trabalho.

Aos amigos do PMGCA/UFSCar/RIDESA, da Estação Experimental de Valparaíso: **Lungas Lopes Menezes**, **Odorico Diogo**, **Valdir de Oliveira**, **Rafael Gustavo Simões Alves**, **Bruno Dias Molina**, **Lilian Aparecida Mendonça**, **Ismael Mantelato**, **Samuel Ferreira da Silva**, **João Carlos Civiero** e **José Roberto Barros**.

Aos amigos do PMGCA/UFSCar/RIDESA, do Centro de Ciências Agrárias: **Carlos José Loureiro**, **Luiz Plínio Zavaglia**, **José Ciofi**, **Claúdio José Mendes** (*in*

memorian), **José Adalberto Cruz, Dr. Roberto Giacomini Chapola, MSc. Danilo Eduardo Cursi, Luiz Fernando Dias Pereira, Sandro Augusto Ferrarez, Flávio de Souza Costa, Murilo Savagnago Perticarari, Igor Killer Nunes, Valdir Aparecido Ribeiro Guedes, Maria Stela Scalabrim, Adriana Uccela, Daniel Brandt Delloso, Thiago Willian Almeida Balsalobre e Varlene De Gaspari Fernandes.**

Aos colegas do PMGCA/UFAL/RIDESA, em especial ao **Prof. Dr. Geraldo Veríssimo Barbosa**, pela amizade e contribuição nesse trabalho.

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, em especial ao coordenador **Prof. Dr. Cícero Deschamps** e à secretária **Lucimara Antunes**.

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

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

As usinas, destilarias e associações de fornecedores de cana-de-açúcar do Estado de São Paulo e Mato Grosso do Sul conveniadas ao PMGCA/UFSCar/RIDESA.

Em especial aos amigos: **Dr. Geraldo Veríssimo Barbosa, Dr. Antônio Marcos Iaia, Dr. Luiz José Tavares de Melo** e ao **Dr. Luis Cláudio Silveira**, pela convivência e pelas ótimas discussões durante esta caminhada.

A todos, que direta ou indiretamente, contribuíram para a conclusão do curso e do trabalho de campo.

RESUMO

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é a matéria prima para a produção de energia com maior potencial de crescimento nos próximos anos. A partir da sua biomassa é possível obter energia elétrica e biocombustível, cujo consumo é crescente em substituição aos derivados de petróleo. Além disso, a utilização de materiais lignocelulósicos para a geração de etanol de segunda geração tem apresentado grande potencial e uma solução promissora para alavancar os ganhos do setor sucroenergético. Diante da necessidade de novas variedades que possam atender as necessidades atuais e futuras do setor sucroenergético, necessidades essas que incluem a demanda por genótipos com maiores teores de fibra, o objetivo desse trabalho é gerar informações para subsidiar o desenvolvimento de variedades com diferentes aplicações na indústria da cana-de-açúcar, tais como, a produção de açúcar, etanol de primeira e segunda geração e a cogeração de energia elétrica. Para tanto, foram avaliadas na Estação Experimental de Paranavaí, pertencente a Universidade Federal do Paraná (UFPR) e localizada no município de Paranavaí, no estado do Paraná, Brasil, dois experimentos: o primeiro, um experimento de famílias na primeira fase de teste (T1), constituído por 30 famílias, sendo 25 famílias obtidas a partir de cruzamentos visando aumentar o teor de fibra da população e outras 5 famílias obtidas em cruzamentos convencionais, usualmente praticado ao longo dos anos nos Programas de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (PMGCA/RIDESA); o segundo experimento, chamado de segunda fase de teste (T2) foi constituído por 92 clones obtidos da seleção realizada na fase T1. As famílias foram classificadas em três tipos: famílias de cana-de-açúcar (CA), obtidas a partir de cruzamentos envolvendo genitores elites (clones e variedades) de cana-de-açúcar; famílias intermediárias (INT), envolvendo cruzamentos de cana-de-açúcar e genitores de segunda e terceira geração de *S. spontaneum*; e famílias de cana energia (CE), geradas a partir de cruzamentos entre cana-de-açúcar e acessos e descendentes de *S. spontaneum* e *S. robustum*. Na fase T1, a família CA com maior média para o teor de fibra (FIB) apresentou 15,89% e 14,72% de teor de sacarose aparente (POL). Nas famílias INT a maior média para FIB foi de 16,84%, com 10,85% de POL. A família CE de maior média para FIB apresentou 17,07% e 11,33% de POL. O cruzamento múltiplo envolvendo a variedade RB036066 como genitor materno e vários acessos da espécie *S. spontaneum* como masculinos, apresentou a maior média para tonelada de colmos por hectare (TCH = 115,13) e para tonelada de fibra por hectare (TFH = 18,62). Os valores de herdabilidade e acurácia foram elevados para todos os caracteres avaliados, evidenciando a precisão na predição das médias genotípicas e indicando a eficiência da seleção de famílias. Na fase T2, além dos clones selecionados nas famílias da fase T1, também foram avaliadas duas variedades comerciais (RB867515 e RB036066). Os 88 clones caracterizados para POL e FIB e as duas variedades comerciais, deram origem a 4 grupos contrastantes para esses dois caracteres: o grupo 1 foi composto por 30 clones com FIB abaixo da média populacional, mas com POL acima da média; o grupo 2 apresentou 9 clones de valores de FIB e POL menores que a média geral; o grupo 3 (G3) foi formado por 45 clones que apresentaram FIB acima da média, mas com baixo POL; e o grupo 4 (G4), com 6 clones, que apresentaram valores de FIB e POL acima da média populacional. Dentre os 40 clones de maior TCH, podemos citar os clones: PRBIO12304, PRBIO12108, PRBIO1211 e PRBIO1212, com teores de fibra superior a 16%, teores de sacarose aparente acima de 10% e produtividade de colmos superiores a 108 toneladas por hectare; esses clones descendem do cruzamento IM76-228 × RB867515. A população da fase T2 apresentou elevada variabilidade genética, com valores de acurácia indicando uma condição favorável para a seleção clonal, possibilitando a obtenção de ganhos

genéticos, principalmente, para os caracteres TCH e TPH. Nos dois experimentos foi avaliada as principais doenças da cultura e detectada a ocorrência de: ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) e carvão (*Sporisorium scitamineum*). No ensaio de famílias da fase T1, a incidência de indivíduos com carvão (IIC) nas famílias CE foi de 16,97% com 10,46% de incidência de perfilhos com carvão (IPC); nas famílias INT, a IIC foi de 7,41% com IPC de 4,81%; e as famílias CA apresentaram maior resistência, com IIC de 2,87% e IPC de 1,72%. Para ferrugem marrom, seguindo as notas de severidade da doença, que vão de 1 (sem doença) a 9 (maior severidade), as notas médias foram de: 1,31 para a família CA, 3,57 para INT e 3,39 para CE. Na fase T2, foi observada baixa frequência e baixo nível de intensidade para as duas doenças. De acordo com os resultados obtidos é possível concluir que as famílias e os clones de cana energia são mais suscetíveis ao carvão e a ferrugem marrom e a elevada incidência dessas doenças nas populações de cana energia podem dificultar o processo de seleção clonal, fazendo com que clones com elevado teor de fibra e produtividade sejam descartados em consequência da sua suscetibilidade a essas doenças. Entretanto, os quatro clones destacados em T2, apresentaram resistência as principais doenças da cultura, embora a intensidade média do carvão e da ferrugem marrom na família IM76-228 × RB867515 tenha sido elevada na fase T1.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., biomassa, *Puccinia melanocephala*, *Sporisorium scitamineum*, herdabilidade e melhoramento vegetal.

ABSTRACT

The sugarcane (*Saccharum* spp.) is the raw material for the production of energy with the greatest growth potential in the coming years. From its biomass it is possible to obtain electric energy and biofuel, whose consumption is increasing in substitution to petroleum derivatives. In addition, the use of lignocellulosic materials for the generation of second generation ethanol has presented great potential and a promising solution to enhance the gains of the sugarcane industry. Given the need for new varieties that can meet current and future needs of the sugarcane industry, needs which include the demand for genotypes with higher fiber content, the aim of this study is to generate information to support the development of varieties with different applications in the sugarcane industry, such as sugar production, first and second generation ethanol and cogeneration of electricity. Therefore, two experiments were evaluated in the Experimental Station of Paranavaí belonging to the Federal University of Paraná (UFPR) and located in the city of Paranavaí, state of Paraná, Brazil: the first, a family experiment in the first test phase (T1), consisting of 30 families, 25 families obtained from crosses to increase the fiber content of the population and other 5 families obtained in conventional crosses, usually practiced over the years in the Genetic Improvement Programs of Sugarcane of the Inter-University Network for the Development of Sugarcane Industry (PMGCA/RIDESA); the second experiment, called the second test phase (T2) composed of 92 clones obtained from the selection performed in the T1 phase. The families were classified into three types: sugarcane families (CA), obtained from crosses involving elite parents (clones and varieties) of sugarcane; intermediate families (INT) involving sugarcane crosses and parents of second and third generation of *S. spontaneum*; and energy cane families (CE), generated from crosses between sugarcane and accessions and descendants of *S. spontaneum* and *S. robustum*. In T1 stage, the best CA family to FIB showed 15.89% and 14.72% of POL. In INT families, the highest mean for FIB was 16.84%, with 10.85% of POL. The best CE family presented 17.07% of FIB and 11.33% of POL. The polycrosses involving the variety RB036066 as maternal parent and several accessions of the *S. spontaneum* species as male presented the highest mean for tons of stems per hectare (TCH = 115.13) and for tons of fiber per hectare (TFH = 18.62). The values of heritability and accuracy were high for all evaluated traits, evidencing the precision in the prediction of genotypic means and indicating the efficiency of the family selection. In phase T2, besides the clones selected in the families of phase T1, two commercial varieties (RB867515 and RB036066) were also evaluated. The 88 clones characterized for POL and FIB and the two commercial varieties gave rise to 4 contrasting groups for these two characters: group 1 (G1) was composed of 30 clones with FIB below the population mean, but with above-average POL; group 2 (G2) presented 9 clones of FIB and POL values smaller than the general mean; group 3 (G3) was formed by 45 clones that presented FIB above average, but with low POL; and group 4 (G4), with 6 clones, which presented values of FIB and POL above the population mean. Among the 40 clones of higher TCH, we can mention the clones: PRBIO12304, PRBIO12108, PRBIO1211 and PRBIO1212, with higher fiber content to 16% sucrose content apparent above 10% and sugarcane yield greater than 108 tons per hectare; these clones descended from IM76-228 × RB867515 crossing. The population of the T2 phase showed high genetic variability, with accuracy values indicating a favorable condition for the clonal selection, making it possible to obtain genetic gains, mainly for TCH and TPH characters. In the two experiments the main diseases of the crop were evaluated and brown rust (*Puccinia melanocephala*) and sugarcane smut (*Sporisorium scitamineum*) were detected. In the T1 phase family trial, the incidence of individuals with sugarcane smut (IIC) in the CE families was 16.97%

with a 10.46% incidence of sugarcane smut tiller (IPC); in INT families, the IIC was 7.41% with a IPC of 4.81%; and the CA families showed greater resistance, with IIC of 2.87% and IPC of 1.72%. For brown rust, following the disease severity scores, ranging from 1 (without disease) to 9 (greater severity), the mean scores were: 1.31 for the CA family, 3.57 for INT and 3.39 for CE. In stage T2, low frequency and low level of intensity were observed for the two diseases. According to the results obtained it is possible to conclude that energy cane families and clones are more susceptible to sugarcane smut and brown rust. The high incidence of these diseases in energy cane populations may hinder the clonal selection process, causing clones with high fiber content and productivity to be discarded as a consequence of their susceptibility to these diseases. However, the four clones highlighted in T2 presented resistance to the major diseases of the culture, although the mean intensity of sugarcane smut and brown rust in the IM76-228 × RB867515 family was elevated in the T1 phase.

Keywords: *Saccharum* spp, biomass, *Puccinia melanocephala*, *Sporisorium scitamineum*, heritability and plant breeding.

SUMÁRIO

RESUMO	7
ABSTRACT	9
LISTA DE TABELAS	13
LISTA DE FIGURAS	14
INTRODUÇÃO GERAL	16
REFERÊNCIAS	18
CAPÍTULO I	19
PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR E DE CANA ENERGIA	19
RESUMO	19
ABSTRACT	20
1. INTRODUÇÃO	21
2. MATERIAL E MÉTODOS	22
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
4. CONCLUSÃO	32
REFERÊNCIAS	32
CAPÍTULO II	36
VARIABILIDADE GENÉTICA EM CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DE CANA ENERGIA	36
RESUMO	36
ABSTRACT	37
1. INTRODUÇÃO	38
2. MATERIAL E MÉTODOS	40
2.1. Material Vegetal.....	40
2.2. Avaliação Clonal.....	40
2.3. Análise dos Dados.....	41
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
4. CONCLUSÃO	52
REFERÊNCIAS	52
CAPÍTULO III	55
CANA ENERGIA: RESISTENTE ÀS PRINCIPAIS DOENÇAS DA CANA-DE-AÇÚCAR?	55
RESUMO	55
ABSTRACT	56

1. INTRODUÇÃO	57
2. MATERIAL E MÉTODOS	59
2.1. Primeira Fase de Teste (T1)	59
2.2. Segunda Fase de Teste (T2)	59
2.3. Avaliação das Doenças.....	60
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	62
3.1. Ferrugem Marrom	62
3.2. Carvão	65
4. CONCLUSÃO	71
REFERÊNCIAS	71
CONSIDERAÇÕES FINAIS	75
REFERÊNCIAS GERAL	77

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

TABELA 1 – Genealogia (mãe e pai) dos genitores utilizados na obtenção das 30 famílias avaliadas no município de Paranaíba, Paraná, Brasil. 23

TABELA 2 – Média geral, variância genotípica (V_g), coeficiente de variação genética (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e), herdabilidade média no sentido amplo (h^2) e acurácia (Ac) dos caracteres de produção e tecnológicos avaliados em 30 famílias de cana-de-açúcar e de cana energia no município de Paranaíba, Paraná, Brasil. 25

TABELA 3 – Genitores das famílias, classificação dos cruzamentos (Tipo), médias genotípicas e seus respectivos ordenamentos para os caracteres de produção avaliados em 30 famílias de cana-de-açúcar e cana energia no município de Paranaíba, Paraná, Brasil. 28

CAPÍTULO II

TABELA 1 – Parâmetros genéticos estimados nos clones e famílias de cana-de-açúcar e cana energia avaliadas na região noroeste do estado do Paraná, município de Paranaíba, Brasil, no ano de 2016. 42

TABELA 2 – Médias genotípicas dos caracteres avaliados nos 45 clones com as maiores médias para tonelada de colmos por hectare (TCH). 43

TABELA 3 – Variâncias (λ_i), proporção da variância total explicada (% Explicada) e os coeficientes de correlação entre os caracteres componentes da produção (POL, FIB, NMC e M1C) e cada componente principal (CP). 50

CAPÍTULO III

TABELA 1 – Genitores das 32 famílias avaliadas na primeira e segunda fases de testes (T1 e T2) e a classificação dos cruzamentos (Tipo). 60

TABELA 2 – Quantidade de indivíduos com cada nota definida de acordo com a escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas +3, percentagem de clones sem a doença (% sem doença) e com a doença (% com doença) em diferentes tipos de famílias, durante a segunda fase de teste (T2). 65

TABELA 3 – Quantidade de indivíduos em cada classe de incidência de perfilhos com carvão (IPC) (*Sporisorium scitamineum*), percentagem de clones com carvão (% sem doença) e clones com o carvão (% com doença) em diferentes tipos de famílias durante a segunda fase de teste (T2). 69

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

FIGURA 1 – Gráfico de dispersão ilustrando a correlação entre as médias do teor de sacarose aparente (POL) e o teor de fibra (FIB), na avaliação de 30 famílias de cana-de-açúcar e cana energia. 29

FIGURA 2 – Gráfico de isoquantas para tonelada de sacarose por hectare (TPH), no estudo de 30 famílias de cana-de-açúcar e de cana energia em Paranavaí, Paraná, Brasil. POL = teor de sacarose aparente e TCH = tonelada de colmos por hectare. 30

FIGURA 3 – Gráfico de isoquantas para tonelada de fibra por hectare (TFH), no estudo de 30 famílias de cana-de-açúcar e cana energia em Paranavaí, Paraná, Brasil. FIB = teor de fibra e TCH = tonelada de colmos por hectare. 31

CAPÍTULO II

FIGURA 1 – Correlação genética entre os caracteres: número médio de colmos por metro (NMC), massa de um colmo em quilogramas (MMC), açúcar total recuperável em quilogramas por tonelada de cana moída (ATR), teor de sólidos solúveis em percentagem (BRIX), teor de sacarose aparente em percentagem (POL), teor de fibra em percentagem (FIB), tonelada de colmos por hectare (TCH), tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de fibra por hectare (TFH). A diagonal principal é composta pelos histogramas de distribuição dos dados de cada carácter; na parte superior da matriz são os coeficientes de correlação genética e na parte inferior a dispersão gráfica e linha de tendência da regressão. 44

FIGURA 2 – Dispersão gráfica de 90 clones, linha de tendência da regressão e correlação ($r=-0,80$) entre os caracteres teor de sacarose aparente (POL) e teor de fibra (FIB). 45

FIGURA 3 – Box-plot dos caracteres: número médio de colmos por metro (NMC), massa de um colmo em quilogramas (MIC), açúcar total recuperável em quilogramas por tonelada de cana moída (ATR), teor de sólidos solúveis em percentagem (BRIX), teor de sacarose aparente em percentagem (POL), teor de fibra em percentagem (FIB), tonelada de colmos por hectare (TCH), tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de fibra por hectare (TFH) nas famílias classificadas como cana-de-açúcar (CA), intermediária (INT) e energia (CE). 48

FIGURA 4 – Distribuição das famílias a partir dos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) demonstrando a dispersão das 32 famílias avaliadas e classificadas em família de cana-de-açúcar (CA), família intermediária (INT) e família de cana energia (CE), de acordo com a descendência. 49

CAPÍTULO III

FIGURA 1 – Escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom, causada pelo fungo *Puccinia melanocephala* em folhas de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). Valores em porcentagem de área foliar lesionada (Amorim et al., 1987). 61

FIGURA 2 – Nota média conforme a escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas de cana-de-açúcar. T1: primeira fase de teste 1; T2: segunda fase de teste 2; CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. 62

FIGURA 3 – Frequência das famílias em porcentagem conforme nota média da escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas de cana-de-açúcar na primeira fase de teste 1 (T1). CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. 63

FIGURA 4 – Nota média conforme a escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas +3 de cana-de-açúcar durante a primeira fase de teste (T1). CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. 64

FIGURA 5 – Frequência das famílias com incidência de indivíduos com carvão (IIC) e incidência de perfilhos com carvão (*Sporisorium scitamineum*). T1: primeira fase de teste 1; T2: segunda fase de teste 2; CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família e cana energia. 66

FIGURA 6 – Frequência de famílias com diferentes incidências de indivíduos com carvão (IIC) (*Sporisorium scitamineum*) na primeira fase de teste (T1). CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. 66

FIGURA 7 – Incidência de indivíduos com carvão (IIC) (*Sporisorium scitamineum*) nas famílias avaliadas na fase T1. CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. 67

FIGURA 8 – Incidência de perfilhos com carvão (IPC) (*Sporisorium scitamineum*) nas famílias avaliadas na fase T1. CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. 69

INTRODUÇÃO GERAL

O grande crescimento da demanda da população mundial pelo consumo de energia, aliado às graves consequências ao meio ambiente, principalmente por conta dos gases causadores do efeito estufa, tem gerado a necessidade de melhorias nos sistemas de produção e na busca por novas fontes de energia. O desacerto entre a demanda e a oferta de recursos energéticos ficou evidente com a crise hídrica ocorrida no Brasil em 2001 e mais recentemente em 2015, provocando o colapso no fornecimento de energia e obrigando o país a ter que adotar o racionamento em grande parte do território nacional. Essas fases conturbadas oferecem ao país a oportunidade de realizar novos investimentos, de forma a diversificar a sua matriz energética, diminuindo a sua dependência por recursos hídricos.

Muitas pesquisas vêm sendo desenvolvidas nesse sentido, cujo interesse comum é o de associar a busca pela produtividade energética e garantir a sustentabilidade, reduzindo ao máximo os impactos ao ambiente. Tanto no mercado internacional como no Brasil, a biomassa tem sido considerada como uma das principais alternativas para a diversificação da matriz energética e diminuição da utilização dos combustíveis fósseis.

No Brasil, a fonte que tem se destacado é a biomassa da cana-de-açúcar, considerada uma opção competitiva economicamente em relação a outras culturas, em função, principalmente, de apresentar uma técnica de cultivo já dominada, um parque industrial em pleno funcionamento, além de um grande número de usinas distribuídas pelas diversas regiões do país.

Atualmente, o bagaço da cana-de-açúcar é utilizado para geração de energia, fazendo com que as unidades processadoras de cana-de-açúcar sejam autossuficientes, sendo que algumas produzem excedentes de eletricidade que são vendidos às concessionárias de energia elétrica. Além do uso do bagaço, algumas usinas têm realizado a coleta da palhada visando aumentar a cogeração e conseqüentemente os lucros advindos dessa atividade, o que tem motivado muitas delas a investirem na construção de redes de transmissão e no aperfeiçoamento da produção de energia com adoção de novas tecnologias.

Atualmente, existem 505 termoelétricas de geração de energia a partir da biomassa em operação, sendo que 417 são usinas e destilarias de cana-de-açúcar. A cana-de-açúcar, entre as fontes de biomassa, é a mais utilizada e representa 76,82% do total (UNICA, 2017). Segundo dados da Unica (2017), todas as usinas e destilarias do Brasil já utilizam

o recurso para abastecer as próprias unidades e não precisam comprar eletricidade de concessionárias para funcionar, mas devido à falta de incentivo e investimento público, apenas 90 unidades vendem o excedente para o sistema nacional. Mesmo assim, o que é vendido, representa 5% do total consumido no país. Levando em consideração que na safra 2016/17 a produção de cana-de-açúcar foi de 694,54 milhões de toneladas (CONAB, 2016), todas as usinas poderiam gerar 15.300 megawatts (MW), o equivalente a pouco mais de uma Itaipu (UNICA, 2017).

A energia elétrica é gerada a partir da combustão do bagaço, que em última análise, é a fibra da cana-de-açúcar. As variedades comerciais desenvolvidas pelos programas tradicionais de melhoramento genético no Brasil possuem, em média, 12% de fibra. A demanda atual por biomassa para produção de energia elétrica a partir da combustão dos resíduos (bagaço e palhada), além do potencial para produção de etanol de segunda geração, fez com que os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar existentes no país adotassem uma nova linha de pesquisa visando o aumento nos teores de fibra das futuras variedades, denominadas de “cana energia”.

Para incrementar o teor de fibra nas futuras variedades, muitos programas estão recorrendo ao intercruzamento de *Saccharum spontaneum* e *S. robustum* com variedades atuais (*Saccharum* spp.), já que as duas primeiras espécies apresentam elevados teores de fibra se comparadas com as variedades cultivadas atualmente. Segundo vários pesquisadores, os descendentes dos cruzamentos envolvendo essas espécies têm apresentado como principais características, a elevada resistência a pragas e doenças, o elevado teor de fibra, a baixa exigência em água e nutrientes do solo e uma grande capacidade de perfilhamento e produção de biomassa. Além disso, os cruzamentos envolvendo diferentes espécies do complexo *Saccharum* apresentam-se como uma possibilidade de ampliar a variabilidade genética em populações de cana-de-açúcar e aumentar a probabilidade de selecionar genótipos superiores, adaptados a diferentes condições de produção e para o uso como matéria prima na cogeração de energia elétrica e na produção de etanol de segunda geração.

A Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), iniciou um programa de hibridação envolvendo acessos de *S. spontaneum*, *S. robustum*, variedades República Brasil (RB) e variedades de outros programas de melhoramento genético, visando o desenvolvimento de variedades de cana energia. Diante disso, o objetivo desse trabalho é gerar informações para subsidiar o desenvolvimento de variedades com diferentes aplicações na indústria da cana-de-açúcar,

tais como, a produção de açúcar, de etanol de primeira e de segunda geração e a cogeração de energia elétrica.

REFERÊNCIAS

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. Safra 2016/17 - Terceiro levantamento. Conab: v.3, 2016. 74p.

UNICA – União da Indústria da Cana-de-açúcar. **Boletim: A bioeletricidade da cana em números** – (2017) (<http://www.unica.com.br/documentos/documentos/>). Acesso em fevereiro de 2017.

CAPÍTULO I

PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR E DE CANA ENERGIA

RESUMO

A crescente demanda por energia nos próximos anos tem despertado o interesse por biomassa para cogeração de energia, visando diversificar a matriz energética de forma limpa e renovável. A cana-de-açúcar é apontada como a principal cultura para esse fim, porém se faz necessário o aumento nos teores de fibra das futuras variedades. Visando atender as novas demandas do setor sucroenergético, o objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho agrônomo e estimar parâmetros genéticos para caracteres de produção em famílias de cana-de-açúcar e cana energia. Foram avaliadas 30 famílias de cruzamentos direcionados pela genealogia, sendo: cinco famílias para cana-de-açúcar (CA), envolvendo o cruzamento entre clones e variedades de cana-de-açúcar; 12 famílias intermediárias (INT), provenientes do cruzamento de variedades e clones de cana-de-açúcar com genitores de segunda e terceira geração de *S. spontaneum*; e 13 famílias de cana energia (CE), envolvendo o cruzamento de variedades e clones de cana-de-açúcar com acessos e descendentes de *S. spontaneum* e *S. robustum*. O ensaio de famílias foi conduzido no noroeste do estado do Paraná, no município de Paranaíba. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições. As avaliações foram realizadas 12 meses após o primeiro corte, no ciclo de cana soca, em dezembro de 2014. Os caracteres avaliados a nível de parcela foram: teor de sólidos solúveis (BRIX), teor de sacarose aparente (POL), teor de fibra (FIB), tonelada de colmos por hectare (TCH), tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de fibra por hectare (TFH). Constatou-se elevada variabilidade genética para todos os caracteres avaliados, com estimativas de acurácia de 0,69 para o caráter TPH, até 0,92 para POL, com valores de herdabilidades de até 0,84, demonstrando uma condição favorável para a seleção e a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos. As famílias de cana energia, obtidas com os cruzamentos envolvendo as espécies *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum* com híbridos de cana-de-açúcar, apresentaram os maiores teores de fibra. Os maiores teores de açúcar foram observados em famílias de cana-de-açúcar, gerados a partir de cruzamentos envolvendo clones e variedades convencionais. As maiores médias para TPH foram das famílias: F160 × MEX68-200 e RB855156 × RB987935. A maior média genotípica para TFH foi do cruzamento múltiplo envolvendo a variedade RB036066 e acessos de *S. spontaneum* como doadores de pólen. Os valores de herdabilidade e acurácia foram elevados para todos os caracteres avaliados, refletindo considerável presença do componente genético na expressão dos caracteres e evidenciando a precisão na predição das médias genotípicas, indicando a eficiência da seleção de famílias de cana-de-açúcar e de cana energia para os caracteres tecnológicos e de produção.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., biomassa, herdabilidade, melhoramento genético.

GENETIC PARAMETERS IN FAMILIES OF SUGARCANE AND ENERGY CANE

ABSTRACT

The growing demand for energy in the coming years has aroused interest in biomass for cogeneration of energy, aiming to diversify the energy matrix in a clean and renewable way. The sugarcane is cited as the main crop for this purpose, but it is necessary to increase the fiber content of future varieties. Aiming to meet the new demands of the sugarcane industry, the objective of this work was to evaluate agronomic performance and to estimate genetic parameters for production characters in sugarcane and energy cane families. We evaluated 30 families of crosses directed by the genealogy, being: five families for sugarcane (CA), involving the cross between clones and varieties of sugarcane; 12 intermediate families (INT) from the crossbreeding of sugarcane varieties and clones with second and third generation parents of *S. spontaneum*; and 13 families of energy cane (CE), involving the crossing of varieties and clones of sugarcane with accesses and descendants of *S. spontaneum* and *S. robustum*. The family experiment was conducted in the northwest of the state of Paraná, in the city of Paranavaí, Brazil. The experimental design was in randomized blocks, with three replications. The evaluations were carried out 12 months after the first cut, in the cana soca cycle, in December 2014. The characteristics evaluated at the plot level were: soluble solids content (BRIX), apparent sucrose content (POL), fiber content (FIB), ton of stems per hectare (TCH), ton of sucrose per hectare (TPH) and ton of fiber per hectare (TFH). High genetic variability was verified for all the evaluated characters, with accuracy estimates of 0.69 for the TPH character, up to 0.92, for POL, with high heritability values of up to 0.84, demonstrating a favorable condition for the selection and the possibility of obtaining genetic gains in the selection. The energy cane families, obtained with the crosses involving *Saccharum spontaneum* and *Saccharum robustum* species with sugarcane hybrids, presented the highest fiber contents. The highest sugar contents were observed in sugarcane families, generated from crosses involving clones and conventional varieties of sugarcane. The highest means for TPH were from families: F160 × MEX68-200 and RB855156 × RB987935. The highest genotypic mean for TFH was of the multiple crossing involving the variety RB036066 with accessions of *S. spontaneum* as pollen donors. The values of heritability and accuracy were high for all the evaluated characters, reflecting the presence of the genetic component in the expression of the characters and evidencing the precision in the prediction of the genotypic means, indicating the efficiency of the selection of families of sugarcane and energy cane for the technological and production characteristics.

Keywords: *Saccharum* spp, biomass, heritability, genetic improvement.

1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma das culturas agrícolas mais eficientes na conversão de energia solar em energia química, por se tratar de uma espécie C4 com alta produção de biomassa (Tew e Cobill, 2008). No Brasil, é uma das principais opções para a produção de biomassa, sendo competitiva economicamente em relação a outras culturas, principalmente por possuir um parque industrial montado e em pleno funcionamento, com domínio das técnicas de cultivo e processamento, além do considerável número de usinas distribuídas pelas diversas regiões do país (Matsuoka et al., 2014).

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

De acordo com Dal-Bianco et al. (2012), os trabalhos de melhoramento genético com a cana-de-açúcar exploraram, ao longo de séculos, o aumento no rendimento de sacarose, sendo que as variedades comerciais atuais foram selecionadas para um maior teor de sacarose em detrimento da produção de fibra. Com a viabilidade do uso da palha e a perspectiva de utilizar toda a biomassa na produção de etanol celulósico e outros produtos, tem surgido novas linhas de pesquisa com a cultura no Brasil e em outros países, que visam principalmente aumentar o teor de fibra e a produção de biomassa das futuras variedades (Matsuoka et al., 2014; Silveira et al., 2016).

As espécies *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum* apresentam elevados teores de fibra se comparadas com as variedades atuais (*Saccharum spp.*). Para incrementar o teor de fibra das futuras variedades, alguns pesquisadores propõem explorar cruzamentos envolvendo acessos dessas espécies com as variedades de cana-de-açúcar de alta performance comercial e clones elites já consagrados como genitores, visando a seleção de clones com elevada produtividade de biomassa e maiores teores de fibra, denominados de cana energia (Ming et al., 2006; Wang et al., 2008; Silveira et al., 2015a; Silveira et al., 2015b; Silveira et al., 2016).

Segundo Tew e Cobill (2008), a cana-de-açúcar atualmente cultivada apresenta aproximadamente 12% de fibra, 13% de açúcar e 75% de água. Com o melhoramento genético para obtenção de cana energia é possível desenvolver variedades com 30% de

fibra, 5% de açúcar e 65% de água. Para obtenção de genótipos com essa composição, o caminho a ser percorrido é relativamente longo. Deve-se considerar também, que as indústrias ainda não estão preparadas para processar biomassa com teores de fibra superiores a 20%, e o desenvolvimento de variedades 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 variedade aumentaria a capacidade de produção de energia elétrica ao incrementar o percentual de fibra e conseqüentemente a qualidade do bagaço, sem causar perdas na produção de açúcar (Matsuoka et al., 2014).

Diante da necessidade de obter variedades que atendam as demandas atuais e futuras do setor sucroenergético, genitores antes não utilizados nos programas de hibridação da cana-de-açúcar, a exemplo de acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum*, passaram a despertar o interesse dos melhoristas, principalmente, devido a necessidade de um novo biótipo para a cultura, ou seja, a busca por variedades de cana energia, trouxe uma nova demanda e novos genitores foram incorporados aos programas de hibridação.

Para muitos pesquisadores, após as hibridações, se faz necessário o estudo das famílias, realizando a seleção individual nas famílias com valores genotípicos elevados, aumentando a probabilidade de encontrar clones superiores nas progênes (Simmonds, 1996; Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2005; Resende e Barbosa, 2006). Vários programas de melhoramento têm praticado a seleção de famílias rotineiramente e demonstrado as suas vantagens na obtenção de clones transgressivos, promovendo ganhos genéticos e contribuindo para o desenvolvimento de novas variedades (Stringer et al., 2011; Oliveira et al., 2011; Barbosa et al., 2012; Zeni Neto et al., 2013; Brasileiro et al., 2016).

Portanto, devido a necessidade de conhecer o potencial de novos cruzamentos, o objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho agrônômico e estimar parâmetros genéticos para os caracteres de produção em famílias de cana-de-açúcar e cana energia obtidas a partir de cruzamentos planejados.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Nesse estudo foram avaliadas 30 famílias de cruzamentos direcionados pela genealogia, sendo: cinco famílias para cana-de-açúcar (CA), envolvendo o cruzamento entre clones e variedades de cana-de-açúcar; 12 famílias intermediárias (INT), provenientes do cruzamento de variedades e clones de cana-de-açúcar com genitores de

segunda e terceira geração de *S. spontaneum*; e 13 famílias de cana energia (CE), envolvendo o cruzamento de variedades e clones de cana-de-açúcar com acessos e descendentes de *S. spontaneum* e *S. robustum* (Tabela 1).

Tabela 1 – Genealogia (mãe e pai) dos genitores utilizados na obtenção das 30 famílias avaliadas no município de Paranaíba, Paraná, Brasil.

Mãe	Pai	Genitores	Mãe	Pai	Genitores
B35187	Co617	MEX68-200	RB72454	TUC71-7	RB855156
Co421	Co313	CoS245	RB72454	?	RB867515
Co951	Co419	Co62175	RB855156	RB815690	RB966928
CP71-321	US72-19	TUC77-42	SP71-1088	H57-5028	SP80-3280
L65-69	SES297A	US74-103	Co740	SP70-1143	IAC87-3396
NCo310	PT43-52	F150	Co62175	RB72454	RB01640
NCo310	F141	F160	SP70-1143	SP77-5181	RB036066
NG28288	<i>S. spontaneum</i>	B70710	RB745464	RB92524	RB04813
POJ2364	EK28	POJ2878	NA56-79	SP70-1143	RB83102
POJ2878	Co285	Co421	RB75126	RB72199	RB92579
POJ2878	Co285	Co617	RB72454	?	RB93509
<i>S. robustum</i>		IM76-228	CP70-1547	SP71-1279	SP81-3250
<i>S. robustum</i>		28NG289	RB835867	?	RB01623
<i>S. robustum</i>		IM76-229	RB72454	RB83102	RB987935
<i>S. spontaneum</i>	US60-313	US85-1008	RB855536	NA73-1454	RB965518
<i>S. spontaneum</i>		IN84-58	SP80-3280	?	RB996961
<i>S. spontaneum</i>		IN84-88	CP48-124	?	RB813804
STR.MAURITIUS	<i>S. spontaneum</i>	Co285	RB931013	RB72910	RB04823

Os cruzamentos foram realizados no ano de 2012, na Estação de Florescimento e Cruzamento Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas (UFAL), localizada no município de Murici, no estado de Alagoas, Brasil (latitude 9°13' S, longitude 35°50' W e altitude de 450 m) e na Estação de Floração de Devaneio, da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), localizada no Município de Amaraji, no estado de Pernambuco, Brasil (latitude 8°19,8' S, longitude 35°24,8' W e altitude de 514 m).

As cariopses originadas dos cruzamentos, após beneficiamento, foram enviadas para a Estação Experimental de Paranavaí, pertencente a Universidade Federal do Paraná, no município de Paranavaí, no estado do Paraná, Brasil, com latitude de 23°05'S, longitude de 52°27'W, altitude de 503 m e solo do tipo LVE, de textura arenosa (16% de argila). Foram realizados o semeio, a obtenção das plântulas e a instalação do experimento no mês de fevereiro de 2013, no delineamento em blocos casualizados com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de 20 plântulas, espaçadas em 0,50 m, distribuídas em dois sulcos de 5 m de comprimento, espaçados em 1,40 m.

O corte no ciclo de cana planta ocorreu em dezembro de 2013 e a avaliação do experimento ocorreu em dezembro de 2014, no ciclo de cana soca, com 12 meses após o primeiro corte. Os caracteres avaliados nas famílias em nível de parcela foram: número médio de colmos por touceira (NMC), obtido conforme a expressão: $NMC = \frac{\text{número de colmos da parcela}}{n}$, onde n é o número de touceiras sobreviventes na parcela; massa média de colmo (MMC), estimado com a pesagem de uma amostra aleatória de 20 colmos por parcela (Acunha et al., 2014) sem palha e ponteiros; essas amostras foram enviadas para análise tecnológica em laboratório, onde foram determinados os valores percentuais de: teor de sólidos solúveis (BRIX), teor de sacarose aparente (POL) e teor de fibra (FIB).

A produtividade em tonelada de colmos por hectare (TCH) foi obtido pela expressão: $TCH = \frac{NMC \times MMC \times 10}{AP}$, em que AP é área ocupada por cada touceira da parcela em m^2 ($AP = 0,7$) e 10 é a constante usada para conversão do peso da parcela em $t \text{ ha}^{-1}$. Devido às plantas mortas em algumas parcelas do experimento, houve a preocupação de obtenção do TCH a partir dessas expressões citadas, visando não penalizar as famílias com menor número de plantas sobreviventes, tendo em vista que boa parte das mortes foi em decorrência de assoreamento do sulco de plantio, devido ao excesso de chuva logo após a instalação do experimento.

A partir dos caracteres TCH e POL, foi possível estimar a tonelada de sacarose por hectare (TPH): $TPH = \frac{TCH \times POL}{100}$. Para tonelada de fibra por hectare (TFH), foram utilizados os caracteres: TCH e FIB, estimada pela expressão: $TFH = \frac{TCH \times FIB}{100}$.

Para as análises dos dados foi utilizado o modelo estatístico denotado na forma matricial por: $y = Xr + Zg + e$, em que: y é o vetor de dados observados; r é o vetor de efeitos de repetições (assumidos como fixos); g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); e , o vetor de erros (aleatórios); e X e Z , são as matrizes de

incidência para os referidos efeitos, sendo $g \sim N(0, G)$, $e \sim N(0, R)$, $E(y) = Xr$ e $V(y) = ZGZ' + R$. G é a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos genéticos e R , matriz de variâncias e covariâncias dos erros. Para esse modelo, as equações de modelos mistos são apresentadas por Resende (2002), conforme pode ser visto a seguir:

$$\begin{pmatrix} X' & R^{-1} & X & X' & R^{-1} & Z \\ Z' & R^{-1} & X & Z' & R^{-1} & + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X' & R^{-1} & y \\ Z' & R^{-1} & y \end{pmatrix}$$

As análises de modelos mistos REML/BLUP foram realizadas por meio do software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variância genotípica foi significativa para todos os caracteres de acordo com a análise de *deviance*, indicando que existe variabilidade genética a ser explorada no processo de seleção das famílias (Tabela 2).

Tabela 2 – Média geral, variância genotípica (V_g), coeficiente de variação genética (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e), herdabilidade média no sentido amplo (h^2) e acurácia (Ac) dos caracteres de produção e tecnológicos avaliados em 30 famílias de cana-de-açúcar e de cana energia no município de Paranavaí, Paraná, Brasil.

Caracteres ¹	Média Geral	V_g	CV_g (%)	CV_e (%)	h^2	Ac
BRIX	19,85	1,31**	5,77	6,41	0,71	0,84
POL	12,96	2,46**	12,10	9,00	0,84	0,92
FIB	15,71	0,78**	5,62	6,24	0,71	0,84
TCH	87,71	339,94**	21,02	32,59	0,56	0,75
TPH	11,36	5,24*	20,15	36,79	0,47	0,69
TFH	13,67	9,02**	21,97	30,59	0,61	0,78

¹BRIX = teor de sólidos solúveis em percentagem; POL = teor de sacarose aparente em percentagem; FIB = teor de fibra em percentagem; TCH = tonelada de colmos por hectare; TPH = tonelada de sacarose por hectare; TFH = tonelada de fibra por hectare. *, ** significativo a 5 e 1%, respectivamente, de acordo com a análise de deviance.

Os coeficientes de variação genética (CV_g), que expressam, em percentagem da média geral, a quantidade de variação genética existente, tiveram valores moderados para os caracteres tecnológicos: FIB e BRIX (5,62% e 5,77%, respectivamente); e elevado para POL, com 12,10%. Para os caracteres de produção TPH, TCH e TFH, os valores foram elevados, 20,15%, 21,02% e 21,97%, respectivamente. Nos trabalhos de Moraes et al. (2010) com famílias de cana-de-açúcar, os resultados de CV_g para TCH e TPH foram

bem próximos (19,51% e 19,56%), porém, com valores menores para FIB, BRIX e POL (1,46% a 5,08%). Balsalobre et al. (2016) apresentou valores muito próximos para BRIX, POL e FIB, e valores inferiores para os caracteres TCH e TPH.

O coeficiente de variação ambiental (CV_e) é o parâmetro que indica a magnitude da precisão experimental. Os CV_e para os caracteres tecnológicos foram considerados baixos, variando de 6,24% para FIB a 9% para POL. No entanto, os caracteres TCH, TPH e TFH, apresentaram coeficientes de variação maiores, com 32,59%, 36,78% e 30,60%, respectivamente (Tabela 2). Em estudos com famílias de cana-de-açúcar, Jackson et al. (1995) e Moraes et al. (2010) encontraram valores similares para esses caracteres. Silveira et al. (2016) em trabalho com famílias de cana energia, observaram valores de CV_e muito semelhantes aos obtidos nesse trabalho, para os caracteres POL, FIB, TCH, TPH e TFH. O valor elevado do CV_e para TCH, conforme classificação proposta por Gomes (1990), pode ser atribuído, em parte, à heterogeneidade dos dados e por ser este um caráter complexo, altamente influenciado pelo ambiente. O mesmo acontece para TPH e TFH, pois são dependentes e estão altamente correlacionados com TCH. Em geral, a precisão experimental pode ser considerada adequada, considerando-se os valores do coeficiente de variação ambiental e a significância da variabilidade genética entre as famílias avaliadas (Tabela 2).

Os valores de herdabilidade (h^2) estimados foram considerados altos para todos os caracteres (maior que 0,50), de acordo com a classificação proposta por Resende (2002), exceto para TPH (resultado muito próximo, com 0,47), refletindo considerável presença do componente genético na expressão dos respectivos caracteres, indicando a possibilidade de sucesso na seleção (Tabela 2). Esses resultados são concordantes com os trabalhos de Kang et al. (1983) para BRIX e TCH; Melo et al. (2006), para POL, BRIX, FIB e TCH; Silva et al. (2011), para os caracteres BRIX, POL, TCH e TPH. Silveira et al. (2016), encontraram valores de herdabilidade muito próximos para POL, FIB e TCH, e valores menores para TPH e TFH ao avaliar famílias de cana energia.

A acurácia (Ac) evidencia a precisão das inferências das médias genóticas pois, de acordo com Resende (2002), esta tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das famílias para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico, ou seja, a correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros valores. Pelos resultados da Tabela 2, de acordo com Resende e Duarte (2007), as acurácias estão com valores entre moderada (0,69 ou 69%) para TPH e muito alta (0,92 ou 92%) para POL. Os caracteres de interesse para seleção e classificação das

famílias ficaram com valores de acurácia intermediários (TCH = 0,75; TPH = 0,69; TFH = 0,78), indicando boa precisão e, com isso, a confiança nos valores genéticos estimados, promovendo segurança na seleção. Segundo Resende (2002), valores dessa magnitude são adequados na fase inicial de programas de melhoramento genético.

Os cruzamentos: RB867515 × RB965518, MEX68-200 × F150, CoS245 × RB813804, MEX68-200 × RB93509, RB867515 × RB996961 e RB855156 × RB987935, apresentaram os maiores valores para os caracteres BRIX e POL. Essas maiores médias genótípicas para o teor de sólidos solúveis e o teor de sacarose aparente se deve ao fato dessas famílias serem oriundas de cruzamentos envolvendo clones elites e variedades comerciais de cana-de-açúcar (CA), com exceção das famílias intermediárias (INT) dos cruzamentos envolvendo os genitores MEX68-200, CoS245 e F150, todos de terceira geração de *S. spontaneum*, ou seja, muito próximos de *Saccharum* spp., e apresentando teores mais elevados de sacarose (Tabela 3).

Para FIB, os cruzamentos com os maiores valores foram: RB01640 × IN84-58, RB92579 × IM76-229, F150 × IN84-88, IM76-228 × RB867515, RB92579 × IM76-228 e SP81-3250 × US85-1008; são famílias de cana energia (CE) de cruzamentos com híbridos de cana-de-açúcar e *S. spontaneum* (IN84-58 e IN84-88), *S. robustum* (IM76-229 e IM76-228), e primeira geração de *S. spontaneum* (US85-1008) (Tabela 3).

A Figura 1 apresenta a associação entre POL e FIB, evidenciando uma correlação negativa entre esses caracteres nas avaliações das famílias de cana-de-açúcar (CA) e cana energia (CE). Nessa figura, é possível observar que os cruzamentos com híbridos de cana-de-açúcar concentraram-se no quadrante superior à esquerda, mostrando maior teor de sacarose em detrimento de fibra. Os cruzamentos de cana energia no quadrante inferior à direita, com maior teor de fibra e baixo teor de sacarose.

A utilização de acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum* tem gerado indivíduos com maior teor de fibra, se comparado com as demais espécies do gênero *Saccharum* (Ming et al., 2006; Tew e Cobill, 2008), e essa tem sido a estratégia de programas de melhoramento genético conduzidos em vários países para aumento de biomassa, como Porto Rico (Alexander, 1985), Estados Unidos (Giamalva et al., 1985; Eggleston et al., 2007; Bischoff et al., 2008), Barbados (Rao et al., 2007), Ilhas Maurício (Ramdoyal; Badaloo, 2007). No Brasil, as pesquisas com cana energia são mais recentes (Matsuoka et al., 2014; Carvalho-Netto et al., 2014; Silveira et al., 2015a; Silveira et al., 2015b; Silveira et al., 2016; Ramos et al., 2017).

Tabela 3 – Genitores das famílias, classificação dos cruzamentos (Tipo), médias genotípicas, médias para cada tipo de família e seus respectivos ordenamentos para os caracteres de produção avaliados em 30 famílias de cana-de-açúcar e cana energia no município de Paranavaí, Paraná, Brasil.

Famílias*			Caracteres**											
Mãe	Pai	Tipo	BRIX		POL		FIB		TPH		TFH		TCH	
RB855156 ⁽¹⁾	RB987935 ⁽¹⁾	CA	20,98	6°	14,750	2°	15,90	14°	13,65	2°	15,73	5°	98,20	8°
RB867515 ⁽¹⁾	RB965518 ⁽¹⁾	CA	21,26	1°	14,670	4°	14,78	27°	11,06	17°	11,61	24°	78,71	23°
RB867515 ⁽¹⁾	RB996961 ⁽¹⁾	CA	21,06	5°	14,720	3°	15,89	15°	11,47	15°	12,64	20°	81,43	21°
RB966928 ⁽¹⁾	TUC77-42 ⁽¹⁾	CA	20,64	9°	13,810	12°	16,10	10°	8,97	28°	9,87	29°	64,29	29°
SP80-3280 ⁽¹⁾	RB867515 ⁽¹⁾	CA	20,70	8°	13,970	10°	15,24	19°	12,90	7°	14,48	14°	94,02	11°
Média das famílias CA			20,93		14,38		15,58		11,61		12,87		83,33	
Co62175 ⁽¹⁾	28NG289 ⁽³⁾	CE	17,86	30°	10,640	28°	16,27	8°	10,53	21°	14,82	12°	92,01	15°
IAC87-3396 ⁽¹⁾	US85-1008 ⁽⁴⁾	CE	19,29	20°	12,380	19°	16,30	7°	11,61	13°	15,00	8°	92,42	14°
IM76-228 ⁽³⁾	RB867515 ⁽¹⁾	CE	19,04	22°	10,640	28°	16,80	4°	10,51	22°	15,22	7°	91,27	16°
RB01640 ⁽¹⁾	IN84-58 ⁽²⁾	CE	19,00	23°	11,330	26°	17,07	1°	9,24	27°	12,13	22°	73,65	25°
RB036066 ⁽¹⁾	? ⁽²⁾	CE	18,89	26°	11,370	25°	15,87	16°	13,21	5°	18,62	1°	115,13	1°
RB04813 ⁽¹⁾	US85-1008 ⁽⁴⁾	CE	18,92	24°	11,650	24°	15,96	12°	10,16	25°	12,83	19°	81,56	20°
RB83102 ⁽¹⁾	IM76-229 ⁽³⁾	CE	19,57	18°	12,670	17°	16,00	11°	13,34	3°	17,26	2°	106,53	2°
RB867515 ⁽¹⁾	B70710 ⁽⁴⁾	CE	19,16	21°	11,760	23°	14,81	26°	12,21	11°	14,75	13°	99,04	7°
RB92579 ⁽¹⁾	IM76-228 ⁽³⁾	CE	18,36	29°	10,600	30°	16,44	5°	11,20	16°	16,47	3°	99,39	5°
RB92579 ⁽¹⁾	IM76-229 ⁽³⁾	CE	19,64	17°	12,430	18°	16,93	2°	11,00	18°	14,25	16°	86,00	18°
RB93509 ⁽¹⁾	Co285 ⁽⁴⁾	CE	19,94	14°	13,580	15°	15,18	20°	12,34	10°	14,37	15°	94,06	10°
SP81-3250 ⁽¹⁾	US85-1008 ⁽⁴⁾	CE	19,33	19°	11,970	21°	16,41	6°	8,93	29°	10,75	27°	68,60	28°
Média das famílias CE			19,08		11,75		16,17		11,19		14,71		91,64	
Co421 ⁽⁵⁾	POJ2878 ⁽⁶⁾	INT	18,76	28°	11,850	22°	16,18	9°	7,55	30°	8,17	30°	54,83	30°
Co421 ⁽⁵⁾	RB93509 ⁽¹⁾	INT	20,28	12°	14,030	9°	14,72	29°	12,50	9°	13,88	18°	93,10	13°
CoS245 ⁽⁶⁾	RB813804 ⁽¹⁾	INT	21,15	3°	14,560	6°	15,09	22°	10,35	24°	10,90	26°	73,47	26°
Co617 ⁽⁵⁾	POJ2878 ⁽⁶⁾	INT	18,92	24°	12,020	20°	15,96	12°	11,98	12°	15,48	6°	97,56	9°
F150 ⁽⁶⁾	IN84-88 ⁽²⁾	INT	18,82	27°	10,850	27°	16,84	3°	10,41	23°	14,91	10°	89,04	17°
F160 ⁽⁶⁾	MEX68-200 ⁽⁶⁾	INT	20,48	11°	13,870	11°	15,09	22°	13,78	1°	15,83	4°	105,09	3°
MEX68-200 ⁽⁶⁾	F150 ⁽⁶⁾	INT	21,19	2°	14,640	5°	14,94	25°	11,51	14°	12,28	21°	82,35	19°
MEX68-200 ⁽⁶⁾	RB040823 ⁽¹⁾	INT	19,83	15°	13,610	14°	14,50	30°	13,23	4°	14,84	11°	100,98	4°
MEX68-200 ⁽⁶⁾	RB93509 ⁽¹⁾	INT	21,14	4°	14,870	1°	15,00	24°	10,74	20°	11,18	25°	75,37	24°
RB01623 ⁽¹⁾	MEX68-200 ⁽⁶⁾	INT	19,82	16°	13,220	16°	15,59	17°	9,66	26°	10,71	28°	71,24	27°
RB93509 ⁽¹⁾	Co421 ⁽⁵⁾	INT	20,59	10°	14,320	8°	14,77	28°	12,81	8°	13,99	17°	94,02	11°
RB93509 ⁽¹⁾	MEX68-200 ⁽⁶⁾	INT	20,05	13°	13,780	13°	15,10	21°	13,10	6°	14,97	9°	99,06	6°
US74-103 ⁽⁵⁾	RB92579 ⁽¹⁾	INT	20,75	7°	14,360	7°	15,46	18°	10,95	19°	12,10	23°	78,95	22°
Média das famílias INT			20,14		13,54		15,33		11,43		13,02		85,77	

*Tipos de famílias definidas a partir das informações genealógicas: CA: família de cana-de-açúcar; CE: família de cana energia; INT: família intermediária (2ª e 3ª geração de *S. spontaneum*). **BRIX = teor de sólidos solúveis em percentagem; POL = teor de sacarose aparente em percentagem; FIB = teor de fibra em percentagem; TCH = tonelada de colmos por hectare; TPH = tonelada de sacarose por hectare; TFH = tonelada de fibra por hectare. ⁽¹⁾ Híbrido de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), ⁽²⁾ *Saccharum spontaneum*, ⁽³⁾ *Saccharum robustum*, ⁽⁴⁾ 1ª geração de *S. spontaneum*, ⁽⁵⁾ 2ª geração de *S. spontaneum*, ⁽⁶⁾ 3ª geração de *S. spontaneum*, ? genitor desconhecido de cruzamento multiparental.

Nas famílias intermediárias (INT), foi observado um comportamento distinto para os caracteres POL e FIB, onde alguns cruzamentos apresentaram maior teor de sacarose e outros, maior teor de fibra. Os cruzamentos Co617 × POJ2878 e Co421 × POJ2878, ambos genitores de segunda e terceira geração de *S. spontaneum*, respectivamente, originaram famílias com maior tendência de acúmulo de fibra e diminuição considerável no teor de sacarose. Os cruzamentos F160 × MEX68-200 e MEX68-200 × F150, ambos acessos de terceira geração de *S. spontaneum*, apresentaram comportamento contrário, com maior acúmulo de sacarose e menor teor de fibra (Figura 1).

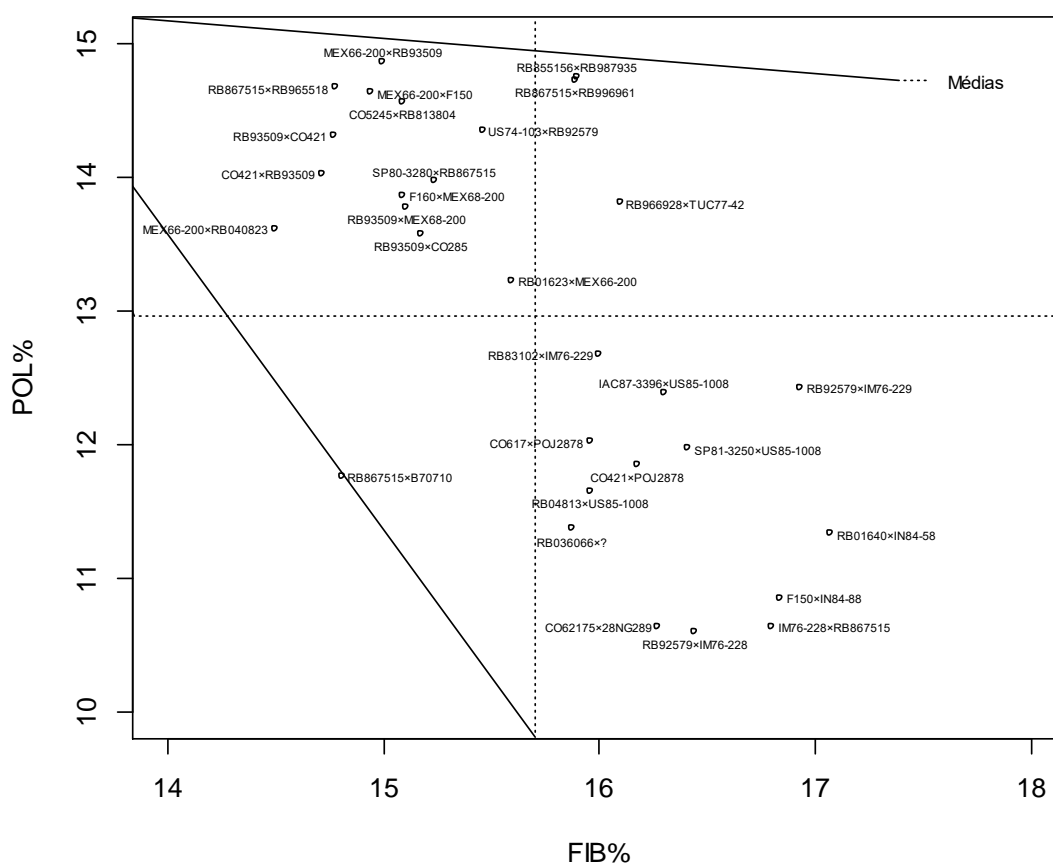


Figura 1 – Gráfico de dispersão ilustrando a correlação entre as médias do teor de sacarose aparente (POL) e o teor de fibra (FIB), na avaliação de 30 famílias de cana-de-açúcar e cana energia.

Para TCH, as famílias com melhor desempenho foram: RB036066 × ? (CE), com 115,13 t ha⁻¹; RB83102 × IM76-229 (CE), 106,53 t ha⁻¹; F160 × MEX68-200 (INT), 105,09 t ha⁻¹; MEX68-200 × RB040823 (INT), 100,98 t ha⁻¹; RB92579 × IM76-228 (CE), 99,39 t ha⁻¹; e RB93509 × MEX68-200 (INT), 99,06 t ha⁻¹ (Tabela 3). Observa-se que os genitores RB040823, RB036066, RB93509, RB92579 e RB83102, são variedades e clones atuais de cana-de-açúcar (exceto os genitores do cruzamento F160 × MEX68-200).

Para TPH, os resultados podem ser melhor observados no gráfico do tipo isoquanta (Figura 2). Observa-se que acima da primeira isolinha, aparecem as famílias: F160 × MEX68-200 (INT), com 13,78 t ha⁻¹, e RB855156 × RB987935 (CA), com 13,65 t ha⁻¹. O cruzamento F160 × MEX68-200, onde os genitores são de terceira geração de *S. spontaneum*, apresentou uma combinação específica, com considerável contribuição no aumento de sacarose e produtividade de colmos, gerando progênes com maior TPH. Os outros cruzamentos com a mesma estratégia não apresentaram o mesmo comportamento. Entre a primeira e segunda isolinha, estão: RB83102 × IM76-229 (CE), MEX68-200 × RB040823 (INT), RB036066 × ? (CE), RB93509 × MEX68-200 (INT), SP80-3280 × RB867515 (CA), RB93509 × Co421 (INT), Co421 × RB93509 (INT) e RB93509 × Co285 (INT), em ordem decrescente pelos valores de TPH (Tabela 3). As famílias de cana energia (CE) apresentaram bom desempenho em TPH pois foram alavancadas pelo TCH, mas com POL muito abaixo da média; as outras famílias obtiveram resultados de TCH e POL acima da média.

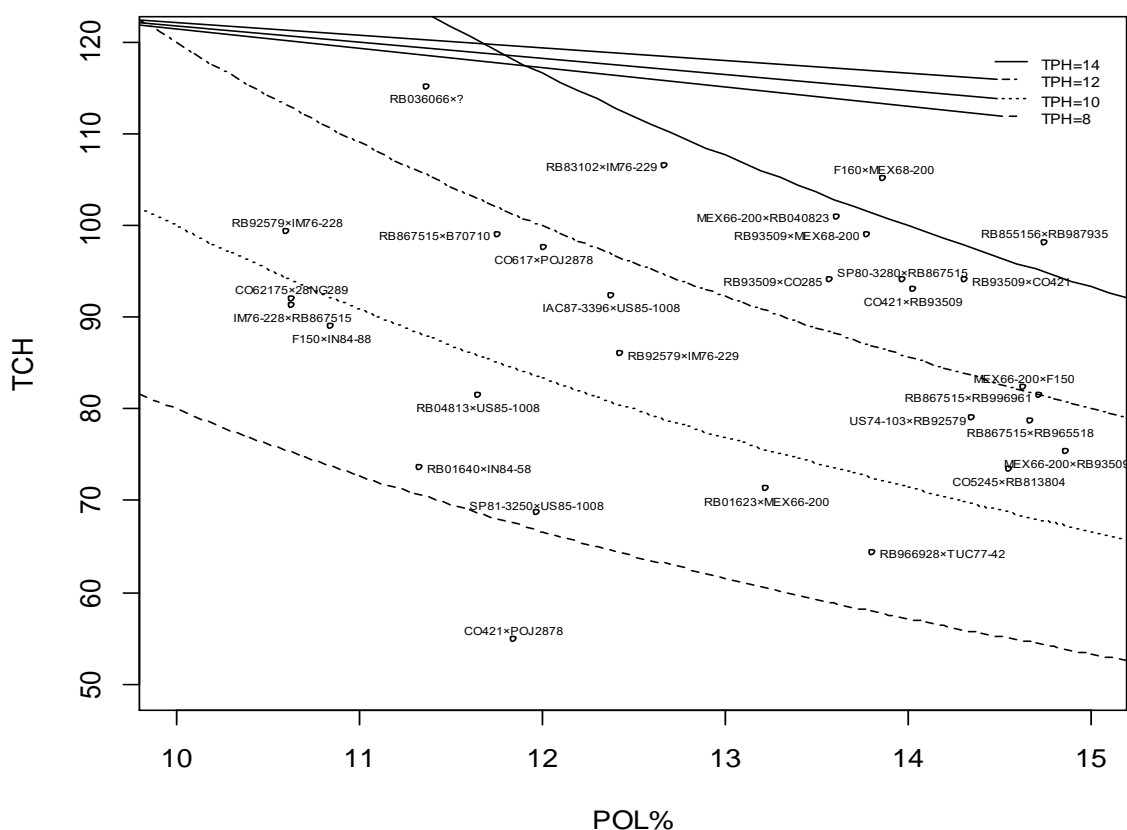


Figura 2 – Gráfico de isoquanta para tonelada de sacarose por hectare (TPH), no estudo de 30 famílias de cana-de-açúcar e de cana energia em Paranavaí, Paraná, Brasil. POL = teor de sacarose aparente e TCH = tonelada de colmos por hectare.

O desempenho das famílias para TFH também podem ser observados em gráficos de isoquanta (Figura 3). O cruzamento RB036066 × ? (CE), de meio irmão com acessos de *S. spontaneum*, aparece acima da primeira isolinha, sendo a família mais produtiva (TFH = 18,62) e apresentou uma posição intermediária para o carácter FIB (15,87%), onde a alta produtividade em fibra foi alavancada pelo TCH (115,13 t ha⁻¹). Entre a primeira e segunda isolinha, estão os cruzamentos RB83102 × IM76-229 (CE) e RB92579 × IM76-228 (CE), ambas famílias com bom desempenho em TCH e alto teor de FIB, os genitores dessas famílias são de híbridos de cana-de-açúcar de alta performance e acessos de *S. robustum*.

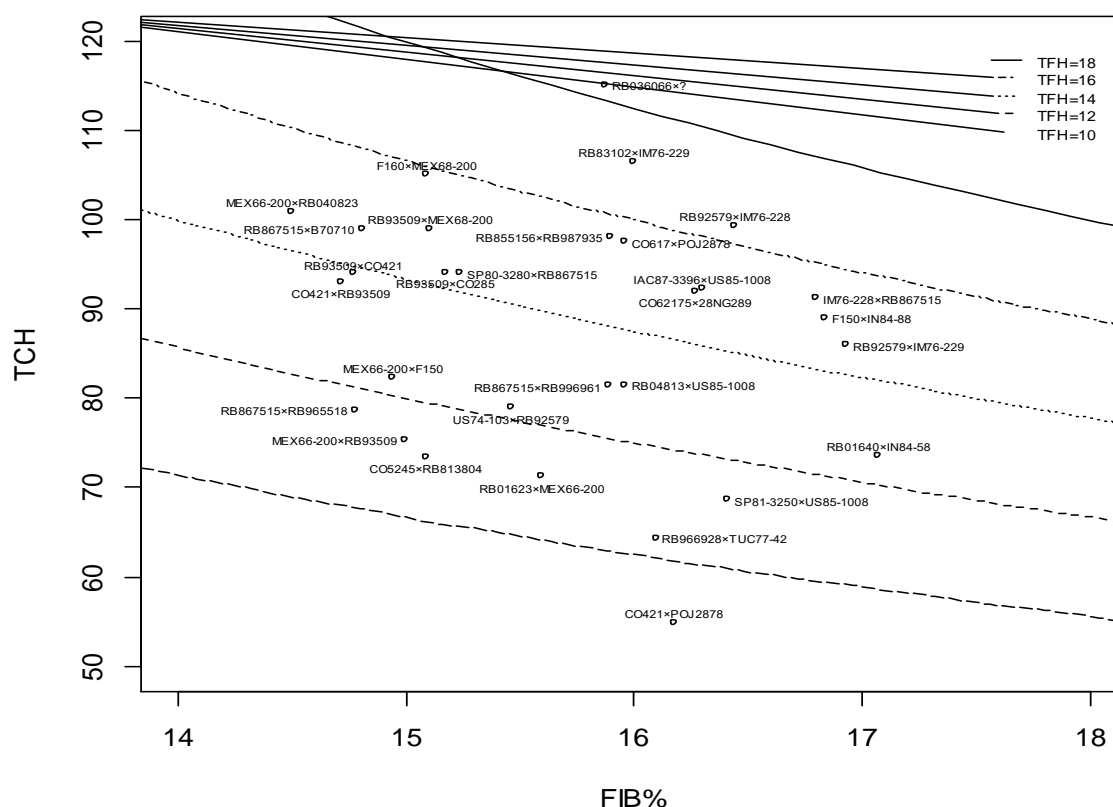


Figura 3 – Gráfico de isoquantas para tonelada de fibra por hectare (TFH), no estudo de 30 famílias de cana-de-açúcar e cana energia em Paranavaí, Paraná, Brasil. FIB = teor de fibra e TCH = tonelada de colmos por hectare.

Os três genitores: RB036066, RB82102 e RB92579, são relatados como variedades de alto potencial produtivo (Daros et al., 2015; Barbosa, 2014), com valores genéticos aditivos para o aumento de produção de biomassa (TCH). Os acessos de *S. robustum* (IM76-228 e IM76-229) tem apresentado grande potencial como genitores, transmitindo para as suas progênes alelos para o aumento nos teores de fibra e números de perfilhos (Silveira et al., 2016; Ramos et al., 2017). Esses acessos nos cruzamentos

com as variedades de cana-de-açúcar citadas acima, mostraram elevada produtividade de biomassa e aumento nos teores de fibra (Figura 3)

4. CONCLUSÃO

As maiores produtividades de sacarose por hectare foram das famílias F160 × MEX68-200 e RB855156 × RB987935. A maior produtividade de fibra por hectare foi da família RB036066 × ? em função da elevada produtividade de colmos (TCH) e do teor de fibra intermediário. Esse ótimo desempenho em TFH foi seguido por famílias oriundas de cruzamentos envolvendo variedades de cana-de-açúcar com acessos de *S. robustum*.

Os valores de herdabilidade e acurácia foram elevados para todos os caracteres avaliados, refletindo considerável presença do componente genético na expressão dos caracteres e evidenciando a precisão na predição das médias genótípicas, indicando a eficiência da seleção de famílias de cana-de-açúcar e de cana energia para os caracteres tecnológicos e de produção.

REFERÊNCIAS

- ALEXANDER, A. G. **The Energy Cane Alternative**. Elsevier, Amsterdam, 1985.
- BALSALOBRE, T. W. A.; MANCINI, M. C.; PEREIRA, G. S.; ANONI, C. O.; BARRETO, F. Z.; HOFFMANN, H. P.; SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F.; CARNEIRO, M. S. Mixed Modeling of Yield Components and Brown Rust Resistance in Sugarcane Families. **Agronomy Journal**, v.108, p.1824-1837, 2016.
- BARBOSA, G. V. S. **Contribuição do melhoramento genético da cana-de açúcar para a agroindústria canavieira de Alagoas**. 2014. 113p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- 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.; 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.
- BISCHOFF, K. P.; GRAVOIS, K. A.; REAGAN, T. E., HOYC, J. W.; KIMBENG, C. A.; LABORDEA, C. M.; HAWKINS, G. L. Registration of “L79-1002” sugarcane. **Journal of Plant Registrations**, v.2, p.211-217, 2008.

- BRASILEIRO, B. P.; MENDES, T. O. P.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Simulated Individual Best Linear Unbiased Prediction versus Mass Selection in Sugarcane Families. **Crop Science**, v.56, p.570-575, 2016.
- 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.1-20, 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.
- DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; BARBOSA, G. V. S. **45 Anos de Variedades RB de Cana-de-açúcar: 25 anos de RIDESA**. 1.ed. Curitiba: Editora Graciosa, 2015. 156p.
- EGGLESTON, G.; SALASSI, M.; RICHARD, E.; BIRKETT, H. Sustainability of the sugar industry: future value addition from sugarcane. **International Sugar Journal**, v.109, p. 415-432, 2007.
- GIAMALVA, M.; CLARK, S.; STEIN, J. Conventional vs high fiber sugarcane. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v.4, p.106–109, 1985.
- GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Ed. da USP, 1990. 467p.
- JACKSON, P. A.; MCRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. In: Sources of variation and optimal selection index. **Field Crops Research**, v.43, p.109-118, 1995.
- KANG, M. S.; MILLER, J. D.; TAI, P. Y. P. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science**, v.23, n.4, p.643-647, 1983.
- KIMBENG, C. A.; COX, M. C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal American Society of Sugarcane Technologists**, v.23, p.20-39, 2003.
- 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.
- MELO, L. J. O. T.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; REIS, O. V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, v.65, p.197-205, 2006.
- 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.

MORAES, M. F.; BASTOS G. Q.; FILHO, C. J. A.; MELO, L. J. O. T.; REIS, O. V. Avaliação agroindustrial e parâmetros genético de progênies de cana-de-açúcar em fase inicial na zona canavieira do litoral norte de Pernambuco. **Ciência Agrotecnologia**, v.34, p.1086-1092, 2010.

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

RAMOS, R. S.; BRASILEIRO, B. P.; SILVEIRA, L. C. I.; KIST, V.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection of parents, families and clones to obtain energy cane. **Agronomy Journal**, v.109, p.1-7, 2017.

RAMDOYAL, K.; BADALOO, G. H. An evaluation of interspecific families of different nobilised groups in contrasting environments for breeding novel sugarcane clones for biomass. In: **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists Conference**, v.26, p.632-645, 2007.

RAO, P. S.; DAVIS, H.; SIMPSON, C. New sugarcane cultivars and year round sugar and ethanol production with bagasse-based cogeneration in Barbados and Guiana. In: **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists Conference**, v.26, p.1169-1176, 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.

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

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

RESENDE, M. D. V. Software Slegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.330-339, 2016.

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

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L. J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, p.52-58, 2011.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A. Genetic diversity and coefficient of kinship among potential genitors for obtaining cultivars of energy cane. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 46, p. 358-368, 2015a.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H., DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection strategy in families of energy cane based on biomass production and quality traits. **Euphytica**, v.204, p.443-455, 2015b.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H., DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection in energy cane families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.298-306, 2016.

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.

VICHI, F. M.; MANSOR, M. T. C. Energia, meio ambiente e economia: o Brasil no contexto mundial. **Química Nova**, v.32, p.757-767, 2009.

ZENI NETO, H.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; SCAPIM, C. A.; VIDIGAL, M. C. G.; VIDIGAL, FILHO P. S. 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.

WANG, L.; JACKSON, P. A.; LU, X., FAN, Y. H.; FOREMAN, J. W.; CHEN, X. K.; DENG, H. H.; FU, C.; MA, L.; AITKEN, K. S. Evaluation of sugarcane x *Saccharum spontaneum* progeny for biomass composition and yield components. **Crop Science**, v.48, p.951-96, 2008.

CAPÍTULO II

VARIABILIDADE GENÉTICA EM CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DE CANA ENERGIA

RESUMO

A existência de variabilidade genética é uma condição básica para o sucesso dos programas de melhoramento genético, permitindo a seleção de genótipos superiores. Diante disso, o objetivo desse trabalho é avaliar a variabilidade genética e estimar os parâmetros genéticos presentes em uma população constituída por 94 genótipos de 32 famílias de cana-de-açúcar e de cana energia. O ensaio foi instalado no delineamento em blocos incompletos. A avaliação ocorreu em dezembro de 2015, no ciclo de cana planta, na segunda fase de teste (T2). Os caracteres avaliados foram: número médio de colmos (NMC), massa média de colmo (MMC), teor de sólidos solúveis (BRIX), teor de sacarose aparente (POL), açúcar total recuperável (ATR), teor de fibra (FIB), tonelada de colmos por hectare (TCH), tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de fibra por hectare (TFH). As herdabilidades individuais no sentido amplo foram baixas apenas para os caracteres: NMC, FIB e TFH; as maiores herdabilidades foram estimadas para: MMC, TPH, TCH e BRIX. As maiores correlações foram entre os caracteres: ATR e o POL (0,99), ATR e BRIX (0,95), BRIX e POL (0,93), MMC e TCH (0,91) e entre TCH e TPH (0,90), consideradas altas e positivas, e as menores correlações foram entre os caracteres FIB e TFH (-0,17), NMC e TFH (-0,24), ATR e TFH (0,32) e entre POL e TFH (0,33). Foi observado correlação negativa entre POL e FIB (-0,80), porém, foi possível identificar clones que apresentaram, simultaneamente, médias elevadas para os dois caracteres. O agrupamento das 32 famílias foi realizado a partir da análise de componentes principais (ACP) a partir dos caracteres: NMC, MMC, POL e FIB. De acordo com a ACP, foi possível observar a separação dos 3 tipos de cruzamentos usados nesse trabalho, sendo sete famílias de cana-de-açúcar (CA); 11 famílias intermediárias (INT) e 14 famílias de cana energia (CE). As famílias CA contribuíram com nove clones com FIB abaixo da média populacional, mas com POL acima da média geral. As famílias intermediárias contribuíram com 23 clones que apresentaram valores de FIB e POL menores que a média geral. Nas famílias CE, 56 clones apresentaram FIB acima da média, mas com baixo POL, além de outros seis clones com valores de FIB e POL acima da média populacional. Os caracteres usados na ACP apresentaram alta correlação com o primeiro componente principal, demonstrando que todos são importantes para a análise de diversidade. A população avaliada apresentou elevada variabilidade genética, com valores de herdabilidade e acurácia para alguns caracteres que indicam uma condição favorável para a seleção clonal, possibilitando a obtenção de ganhos genéticos.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., bioenergia, diversidade genética e fitomelhoramento.

GENETIC VARIABILITY IN CLONES OF SUGAR CANE AND ENERGY CANE

ABSTRACT

The existence of genetic variability is a basic condition for the success of breeding programs, allowing the selection of superior genotypes. Therefore, the objective of this work is to evaluate the genetic variability and to estimate the genetic parameters present in a population constituted by 94 genotypes of 32 families of sugarcane and energy cane. The experiment was installed in the incomplete block design. The evaluation took place in December of 2015, in the cane plant cycle, in the second phase of tests (T2). The evaluated traits were: mean number of stalks (NMC), one stalk mass (MMC), soluble solids content (BRIX), apparent sucrose content (POL), total recoverable sugar (ATR), fiber content (FIB), ton of stalk per hectare (TCH), ton of sucrose per hectare (TPH) and ton of fiber per hectare (TFH). The individual heritabilities in the broad sense were low only for the characters: NMC, FIB and TFH; the highest heritabilities were estimated for: MMC, TPH, TCH and BRIX. The highest correlations were between ATR and POL (0.99), ATR and BRIX (0.95), BRIX and POL (0.93), MMC and TCH (0.91) and between TCH and TPH (0.90), considered as high and positive, and the lowest correlations were between FIB and TFH characters (-0.17), NMC and TFH (-0.24), ATR and TFH (0.32), and between POL and TFH (0.33). A negative correlation was observed between POL and FIB (-0.80), but it was possible to identify clones that simultaneously presented high averages for the two characters. The grouping of the 32 families was performed from the analysis of main components (ACP) from the characters: NMC, MMC, POL and FIB. According to the ACP, it was possible to observe the separation of the three types of crosses used in this work, being seven families of sugarcane (CA); 11 intermediate families (INT) and 14 energy cane families (CE). CA families contributed with nine clones with FIB below the population average, but with POL above the overall average. Intermediate families contributed 23 clones that presented FIB and POL values lower than the general average. In the CE families, 56 clones presented above-average FIB, but with low POL, in addition to six other clones with FIB and POL values above the population mean. The characters used in the ACP presented a high correlation with the first main component, demonstrating that all are important for diversity analysis. The evaluated population presented high genetic variability, with values of heritability and accuracy for some characters that indicate a favorable condition for the clonal selection, allowing the achievement of genetic gains.

Keywords: *Saccharum* spp, bioenergy, genetic diversity and plant breeding.

1. INTRODUÇÃO

Nos últimos anos, houve uma crescente busca por fontes alternativas de energia limpa e para atender essa demanda a biomassa apresenta-se com uma excelente opção. Dentre as fontes de biomassa, a cana-de-açúcar vem se destacando, pois é uma das culturas agrícolas mais eficientes na conversão de energia solar em energia química e os melhoristas de plantas vêm explorando de forma eficiente a ampla variabilidade genética presente no complexo *Saccharum* (Ming et al., 2006; Tew e Cobill, 2008). A perspectiva atual de utilização do bagaço para a produção de etanol de segunda geração e, principalmente, a sua combustão para a cogeração de energia elétrica, aparecem como uma das soluções sustentáveis mais promissoras e economicamente rentável para o setor sucroenergético (Dias et al., 2013).

Ao longo da história, os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar voltaram suas atenções para o desenvolvimento de variedades para a maior produção de açúcar e etanol (Barbosa et al., 2012; Matsuoka et al., 2014). No entanto, recentemente, diversos estudos visam avaliar o desempenho e otimizar o potencial energético de novas variedades com maior teor de fibra e elevada produção de biomassa. As variedades com essa nova composição têm sido denominadas de cana energia (Matsuoka et al., 2014; Silveira et al., 2016; Ramos et al., 2017).

A existência de variabilidade genética é uma condição básica para o sucesso dos programas de melhoramento genético, permitindo a seleção de genótipos superiores e ganhos genéticos elevados (Cruz e Carneiro, 2006; Brasileiro et al., 2014a). O conhecimento do desempenho, da capacidade de combinação e a dissimilaridade genética dos genótipos disponíveis se faz necessário para atingir os objetivos do melhoramento genético (Paternelli et al., 2009; Brasileiro et al., 2014a). Esses estudos fornecem informações importantes na identificação de genitores que possibilitem a obtenção de efeito heterótico, aumentando a probabilidade do aparecimento de genótipos superiores nas progênies (Bered et al., 2002; Rodrigues et al., 2002; Dutra Filho et al., 2011).

É possível realizar inferências sobre a diversidade genética de natureza preditiva, que tem por base as diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em uma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os genitores (Cruz e Regazzi, 1997; Brasileiro et al., 2014a). Uma das maneiras de estimar a diversidade genética é por meio de técnicas multivariadas, uma ferramenta que

permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a caracterização dos genótipos com base em um conjunto de caracteres.

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a dissimilaridade genética vem sendo amplamente empregada na cultura da cana-de-açúcar (Dutra Filho et al., 2011; Silva et al., 2011; Brasileiro et al., 2014a; Brasileiro et al., 2014b; Lopes et al., 2014; Cesar et al., 2015) e mais recentemente também vem sendo adotadas como uma ferramenta importante no estudo de populações de cana energia (Silveira et al., 2015; Ramos et al., 2017).

Ao utilizar medidas de dissimilaridade, o número de estimativas obtidas é muito grande, tornando impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual dessas estimativas (Shimoya et al., 2002). Para tanto, os melhoristas vêm utilizando métodos de agrupamento ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, tomando por base as coordenadas obtidas a partir da medida de dissimilaridade escolhida (Cruz e Carneiro, 2006). Diferentes procedimentos estatísticos podem ser utilizados para essa finalidade, como por exemplo, a análise de componentes principais (Cruz e Carneiro, 2006).

A aplicação da análise de componentes principais (ACP) é um método eficiente na avaliação da variabilidade existente nas populações, sendo essencial aos programas de melhoramento genético (Cruz et al., 2014).

Portanto, para obter sucesso no melhoramento genético são necessários conhecimentos sólidos da variabilidade genética presente na população e dos métodos de seleção, destacando-se o emprego da genética quantitativa (Resende, 2002). As avaliações de famílias têm sido utilizadas na estimação de parâmetros genéticos quando se procura avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível, com vistas a quantificar e maximizar os ganhos genéticos, utilizando-se o procedimento de seleção adequado. Resende e Duarte (2007) sugerem que as avaliações de famílias sejam abordadas do ponto de vista genético e estatístico. Além disso, Resende (2002) propõe o uso da acurácia seletiva devido a sua propriedade de informar sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico do indivíduo. A acurácia seletiva é o principal componente do progresso genético que o melhorista pode alterar visando maximizar o ganho de seleção, podendo ser incrementada por meio da experimentação (Resende, 2002).

Diante disso, o objetivo desse trabalho é avaliar a variabilidade genética e estimar parâmetros genéticos em uma população constituída por 94 genótipos de 32 famílias de cana-de-açúcar e de cana energia.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material Vegetal

Foram avaliados 94 genótipos, sendo 92 clones oriundos da seleção realizada dentro de 30 famílias de cana-de-açúcar e de cana energia e duas variedades comerciais (RB867515 e RB036066) de outras duas famílias, totalizando 32 famílias. As famílias foram classificadas de acordo com as suas genealogias, conforme apresentado a seguir: famílias de cana-de-açúcar (CA), obtidas em cruzamentos entre clones e variedades convencionais de cana-de-açúcar, totalizando nove clones; famílias de cana energia (CE) obtidas em cruzamentos entre clones das espécies *Saccharum spontaneum* e *S. robustum* com híbridos de cana-de-açúcar, totalizando 62 clones; e as famílias intermediárias (INT), que envolveram o cruzamento de clones de segunda e terceira geração de *S. spontaneum* com híbridos de cana-de-açúcar, totalizando 23 clones.

O plantio do experimento ocorreu em dezembro de 2014, na Estação Experimental de Paranavaí, pertencente à Universidade Federal do Paraná, localizada no município de Paranavaí, no estado do Paraná, Brasil, com latitude de 23°05'S, longitude de 52°27'W, altitude de 503 m e solo do tipo LVE, de textura arenosa (16% de argila).

Na instalação do experimento foi utilizado o delineamento em blocos incompletos, totalizando 5 blocos, 4 deles com 20 parcelas e 1 com apenas 14 parcelas. Cada parcela experimental foi constituída por dois sulcos de 5 m de comprimento, espaçados em 1,40 m, com o plantio de 18 gemas por metro.

2.2. Avaliação Clonal

A colheita ocorreu em fevereiro de 2016, durante o ciclo de cana planta, com idade de 14 meses. Os caracteres avaliados em nível de parcela foram: número médio de colmo por metro (NMC), obtido conforme a expressão: $NMC = \frac{NC}{m}$, onde *NC* é o número total de colmos da parcela e *m* é o comprimento total da parcela em metros; massa média de colmo (MMC), estimado com a pesagem de 20 colmos aleatórios por parcela, conforme sugerido por Acunha et al. (2014). Para a análise tecnológica foi realizada a amostragem de 20 colmos aleatórios, sem palha e ponteiro, de cada parcela para os 94 clones que

compõem o experimento, mas amostras de quatro clones foram perdidas. Com esses dados, foi possível determinar: açúcar total recuperável (ATR), em quilogramas por tonelada de cana moída; teor de sólidos solúveis (BRIX), em percentagem; teor de sacarose aparente (POL), em percentagem; e teor de fibra (FIB), em percentagem.

A produtividade em tonelada de colmos por hectare (TCH) para os 94 clones foi obtida pela expressão: $TCH = \frac{NC \times MMC \times 10}{14}$, em que 14 é a área ocupada por cada parcela em m² e 10 é a constante usada para conversão do peso da parcela em t ha⁻¹. A partir dos caracteres TCH e POL, foi possível estimar a tonelada de sacarose por hectare (TPH): $TPH = \frac{TCH \times POL}{100}$. A produtividade em tonelada de fibra por hectare (TFH), foram utilizados os caracteres TCH e FIB, sendo estimada pela expressão: $TFH = \frac{TCH \times FIB}{100}$.

2.3. Análise dos Dados

Para a análise dos dados dos caracteres avaliados, foi usado o seguinte modelo estatístico: $\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zf} + \mathbf{Wb} + \mathbf{Sc} + \mathbf{e}$, 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{f} é o vetor dos efeitos de família, assumidos como aleatórios; \mathbf{b} é o vetor dos efeitos ambientais de blocos incompletos, assumidos como aleatórios, \mathbf{c} é o vetor dos efeitos de clone dentro de família, assumidos como aleatórios e \mathbf{e} é o vetor de erros. \mathbf{X} , \mathbf{Z} , \mathbf{W} e \mathbf{S} são as matrizes de incidência para os referidos efeitos. As análises de modelos mistos REML/BLUP foram realizadas por meio do software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2016).

Foi obtida a matriz de correlação de Pearson e o agrupamento das famílias via análise de componentes principais (ACP), a partir das médias genótípicas preditas via modelos mistos. O agrupamento foi realizado com a finalidade de avaliar a distância genética entre as famílias com base nos caracteres NMC, MMC, POL e FIB. As análises de correlação e de componentes principais foi realizada com o auxílio do programa R (R Development Core Team, 2014).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média geral de todos os caracteres avaliados nos 94 clones pertencentes a 32 famílias, assim como os parâmetros genéticos estimados pelo método REML/BLUP são apresentados na Tabela 1. Os coeficientes de variação (CV%) foram baixos, indicando

boa precisão experimental, com destaque para os caracteres BRIX e FIB ($CV\% < 12$), os maiores valores de $CV\%$ foram obtidos para POL e TPH ($CV\% > 24$) (Tabela 1).

Tabela 1 – Parâmetros genéticos estimados nos clones e famílias de cana-de-açúcar e cana energia avaliadas na região noroeste do estado do Paraná, município de Paranavaí, Brasil, no ano de 2016.

Parâmetros*	NMC	MMC	ATR	BRIX	POL	FIB	TCH	TPH	TFH
V_g	3,474	0,179	304,38	2,095	4,706	2,283	809,178	42,97	6,855
V_c	0,708	0,007	32,541	0,173	0,774	0,440	62,789	1,125	1,673
V_f	9,366	0,239	582,02	3,591	11,190	5,955	1351,064	53,22	20,663
h^2g	0,447	0,779	0,579	0,632	0,490	0,457	0,645	0,828	0,413
Ac	0,668	0,883	0,761	0,795	0,700	0,676	0,803	0,910	0,642
CV%	15,24	19,07	18,750	9,286	24,652	11,547	19,685	25,07	20,897
Média Geral	14,92	1,201	83,424	12,373	9,685	15,553	111,079	12,03	16,656

* V_g : variância genotípica total entre famílias; V_c : variância entre clones dentro de famílias; V_f : variância fenotípica individual; h^2g : herdabilidade individual no sentido amplo; Ac.: acurácia; CV%: coeficiente de variação experimental. NMC: número médio de colmos por metro; MMC: massa média de colmo em quilogramas; ATR: açúcar total recuperável em quilogramas por tonelada de cana moída; teor de sólidos solúveis em percentagem (BRIX); POL: teor de sacarose aparente em percentagem; FIB: teor de fibra em percentagem; TCH: tonelada de cana por hectare; TPH: tonelada de sacarose por hectare e TFH: tonelada de fibra por hectare.

As variâncias genotípicas entre famílias (V_g) e entre clones dentro de famílias (V_c) foram significativas para todos os caracteres avaliados de acordo com as análises de *Deviance* a 5% de probabilidade, indicando a existência de variabilidade genética entre e dentro de famílias e a possibilidade de ganhos genéticos com o processo de seleção (Tabela 1). A maior parte da variância fenotípica (V_f) para os caracteres avaliados foi devido a fatores genéticos, exceto para NMC, POL, FIB e TFH, em que as variâncias ambientais superaram as variâncias devido a fatores genéticos (Tabela 1).

As herdabilidades individuais no sentido amplo (h^2g) foram altas para os caracteres MMC, TPH, TCH e BRIX, permitindo selecionar os melhores clones com uma acurácia acima de 79% (Tabela 1).

Os 45 clones de maiores médias para TCH são apresentados na Tabela 2, assim como a classificação pelo tipo de família que os originaram (TIPO).

Tabela 2 – Médias genotípicas dos caracteres avaliados nos 45 clones com as maiores médias para tonelada de colmos por hectare (TCH).

CLONE	TIPO	NCM	MMC	ATR	BRIX	POL	FIB	TPH	TFH	TCH									
PRBIO12109	CA	16,4	5°	1,6	11°	104,3	3°	14,3	2°	12,3	3°	14,9	31°	27,7	1°	22,0	1°	173,2	1°
RB867515	CA	13,6	40°	2,1	1°	109,0	1°	14,2	3°	12,6	1°	13,8	47°	26,6	2°	19,0	9°	162,3	2°
RB036066	CA	14,5	31°	1,7	4°	100,7	8°	13,6	9°	11,6	9°	14,0	46°	22,1	3°	18,7	12°	153,8	3°
PRBIO1204	INT	13,1	43°	1,8	2°	91,0	14°	13,5	12°	10,5	17°	14,5	38°	16,0	12°	19,1	8°	140,7	4°
PRBIO12234	INT	14,9	28°	1,5	14°	98,1	11°	13,7	7°	11,8	8°	15,8	20°	20,0	4°	20,1	2°	140,0	5°
PRBIO1203	INT	13,0	45°	1,8	3°	92,5	12°	13,5	11°	10,7	14°	14,1	45°	16,1	11°	18,2	21°	139,2	6°
PRBIO1225	CE	15,4	20°	1,3	23°	80,8	29°	12,2	30°	9,4	30°	14,8	34°	12,8	19°	19,3	5°	135,0	7°
PRBIO12404	INT	13,1	44°	1,6	8°	89,2	19°	12,5	20°	10,6	16°	15,0	30°	14,8	15°	19,1	6°	132,8	8°
PRBIO1219	INT	14,2	33°	1,5	13°	106,3	2°	14,9	1°	12,3	2°	14,3	44°	19,9	5°	17,4	31°	132,2	9°
PRBIO1205	INT	12,9	46°	1,6	7°	89,6	17°	12,6	19°	10,7	13°	15,1	29°	14,8	14°	19,1	7°	132,1	10°
PRBIO12403	INT	13,1	42°	1,7	6°	100,4	9°	13,7	8°	11,6	10°	13,6	48°	16,7	9°	16,9	33°	132,1	11°
PRBIO12203	INT	12,9	47°	1,6	9°	85,8	21°	12,4	22°	10,2	23°	15,6	25°	14,0	16°	19,7	4°	131,0	12°
PRBIO12307	CE	15,2	26°	1,3	26°	81,8	27°	12,3	25°	9,5	28°	14,8	33°	12,6	21°	18,7	11°	131,0	13°
PRBIO12306	CE	14,8	29°	1,3	24°	80,4	31°	12,2	29°	9,3	33°	14,8	35°	12,1	22°	18,4	14°	129,0	14°
PRBIO1224	CE	15,2	25°	1,3	27°	80,8	30°	12,3	27°	9,3	32°	14,7	37°	12,1	23°	18,1	24°	128,3	15°
PRBIO12402	INT	13,2	41°	1,6	10°	104,0	5°	13,9	5°	12,1	4°	13,6	49°	16,8	8°	16,3	36°	127,6	16°
PRBIO12204	INT	12,8	48°	1,6	12°	86,7	20°	12,3	26°	10,3	21°	15,2	28°	13,8	17°	18,4	13°	126,5	17°
PRBIO12302	INT	14,0	36°	1,5	15°	82,1	26°	12,1	31°	9,6	25°	15,4	27°	12,7	20°	18,2	19°	126,4	18°
PRBIO12407	CA	14,1	35°	1,4	18°	103,8	6°	13,9	6°	12,0	6°	13,5	51°	16,9	6°	16,2	38°	126,1	19°
PRBIO12401	CA	13,8	38°	1,5	16°	104,1	4°	14,0	4°	12,1	5°	13,5	50°	16,8	7°	16,1	39°	125,3	20°
PRBIO1221	CE	15,6	16°	1,1	29°	69,3	42°	11,6	43°	7,8	42°	16,3	10°	8,9	36°	18,9	10°	117,9	21°
PRBIO12406	CA	12,7	50°	1,7	5°	98,1	10°	13,6	10°	11,4	11°	14,4	43°	15,1	13°	16,2	37°	116,9	22°
PRBIO1209	CE	14,4	32°	1,3	28°	67,1	50°	11,1	50°	7,7	44°	16,3	9°	7,7	48°	18,3	15°	116,7	23°
PRBIO1216	INT	13,6	39°	1,4	17°	100,9	7°	13,4	13°	11,9	7°	14,9	32°	16,1	10°	16,7	34°	116,2	24°
PRBIO1222	INT	15,4	21°	1,1	31°	80,2	32°	12,3	24°	9,4	29°	16,0	18°	13,1	18°	19,7	3°	113,7	25°
PRBIO12315	CE	15,6	11°	1,1	32°	73,2	39°	11,8	36°	8,3	39°	16,0	17°	9,2	34°	17,8	28°	112,9	26°
PRBIO12108	CE	16,6	4°	1,0	41°	85,4	23°	12,5	21°	10,3	22°	16,1	15°	11,7	25°	17,9	27°	112,8	27°
PRBIO1220	CE	15,7	9°	1,1	34°	67,3	49°	11,4	47°	7,4	51°	16,4	8°	8,2	45°	18,2	18°	112,5	28°
PRBIO12233	CE	15,3	22°	1,1	30°	68,5	44°	11,6	44°	7,7	46°	16,5	7°	8,4	42°	18,3	17°	112,2	29°
PRBIO12314	CE	15,6	15°	1,1	36°	68,3	46°	11,5	45°	7,6	47°	16,6	4°	8,3	43°	18,2	20°	111,4	30°
PRBIO12409	CE	15,5	17°	1,1	35°	68,7	43°	11,4	49°	7,7	43°	16,5	6°	8,4	41°	18,2	22°	111,4	31°
PRBIO12316	CE	16,0	6°	1,1	40°	69,8	41°	11,7	42°	7,9	41°	16,6	2°	8,6	37°	18,3	16°	111,3	32°
PRBIO1212	CE	17,0	3°	1,0	45°	81,1	28°	12,3	28°	9,6	26°	16,2	13°	10,8	31°	17,7	29°	111,2	33°
PRBIO12408	CE	15,6	14°	1,1	37°	68,4	45°	11,4	48°	7,7	45°	16,6	3°	8,3	44°	18,1	25°	110,4	34°
PRBIO1211	CE	17,0	2°	1,0	47°	83,2	24°	12,4	23°	10,0	24°	16,6	5°	11,2	28°	18,0	26°	110,3	35°
PRBIO12405	CE	15,7	7°	1,1	39°	67,5	48°	11,5	46°	7,5	48°	16,8	1°	8,1	47°	18,2	23°	110,0	36°
PRBIO12110	CE	15,6	13°	1,1	38°	74,0	37°	11,8	38°	8,5	37°	16,2	12°	9,0	35°	17,6	30°	109,9	37°
PRBIO12105	CE	12,4	53°	1,4	19°	91,8	13°	13,2	14°	10,8	12°	14,4	41°	11,8	24°	15,4	45°	108,9	38°
PRBIO1201	CE	12,5	51°	1,4	20°	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	108,9	39°
PRBIO12304	CE	17,6	1°	0,9	50°	85,8	22°	12,6	18°	10,4	20°	16,2	14°	11,3	26°	17,3	32°	108,8	40°
PRBIO12239	CE	12,5	52°	1,4	22°	89,9	16°	13,2	15°	10,5	18°	14,4	40°	11,2	27°	15,1	46°	107,0	41°
PRBIO12309	CE	15,6	12°	1,0	44°	77,7	34°	12,0	33°	9,1	34°	15,7	22°	9,3	33°	16,6	35°	106,9	42°
PRBIO1223	INT	15,3	23°	1,0	43°	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	105,3	43°
PRBIO12238	CE	12,2	54°	1,4	21°	90,6	15°	13,2	16°	10,6	15°	14,4	42°	11,2	29°	14,8	48°	105,2	44°
PRBIO1202	CE	12,8	49°	1,3	25°	89,6	18°	13,1	17°	10,5	19°	14,5	39°	11,0	30°	14,8	49°	104,4	45°
MÉDIA GERAL		14,9		1,2		83,4		12,4		9,7		15,6		12,0		16,7		111,1	

*CA: cruzamentos convencionais envolvendo híbridos e variedades de cana-de-açúcar; INT: cruzamento envolvendo variedades convencionais e clones de segunda e terceira geração de *S. spontaneum*; CE: cruzamentos envolvendo variedades convencionais com a primeira geração de *S. spontaneum* e *S. robustum* (Energia); NMC: número médio de colmos por metro; MMC: massa média de colmo; ATR: açúcar total recuperável em quilogramas por tonelada de cana moída; teor de sólidos solúveis em percentagem (BRIX); POL: teor de sacarose aparente em percentagem; FIB: teor de fibra em percentagem; TCH: tonelada de colmos por hectare; TPH: tonelada de sacarose por hectare e TFH: tonelada de fibra por hectare; -: dados perdidos.

Foram observadas correlações genéticas elevadas entre a maioria dos caracteres (Figura 1). As maiores correlações foram entre ATR e POL (0,99), ATR e BRIX (0,95), BRIX e POL (0,93), MMC e TCH (0,91) e entre TCH e TPH (0,90), sendo consideradas altas e positivas, e as menores correlações foram entre os caracteres FIB e TFH (-0,17), NMC e TFH (-0,24), ATR e TFH (0,32) e entre POL e TFH (0,33) (Figura 1).

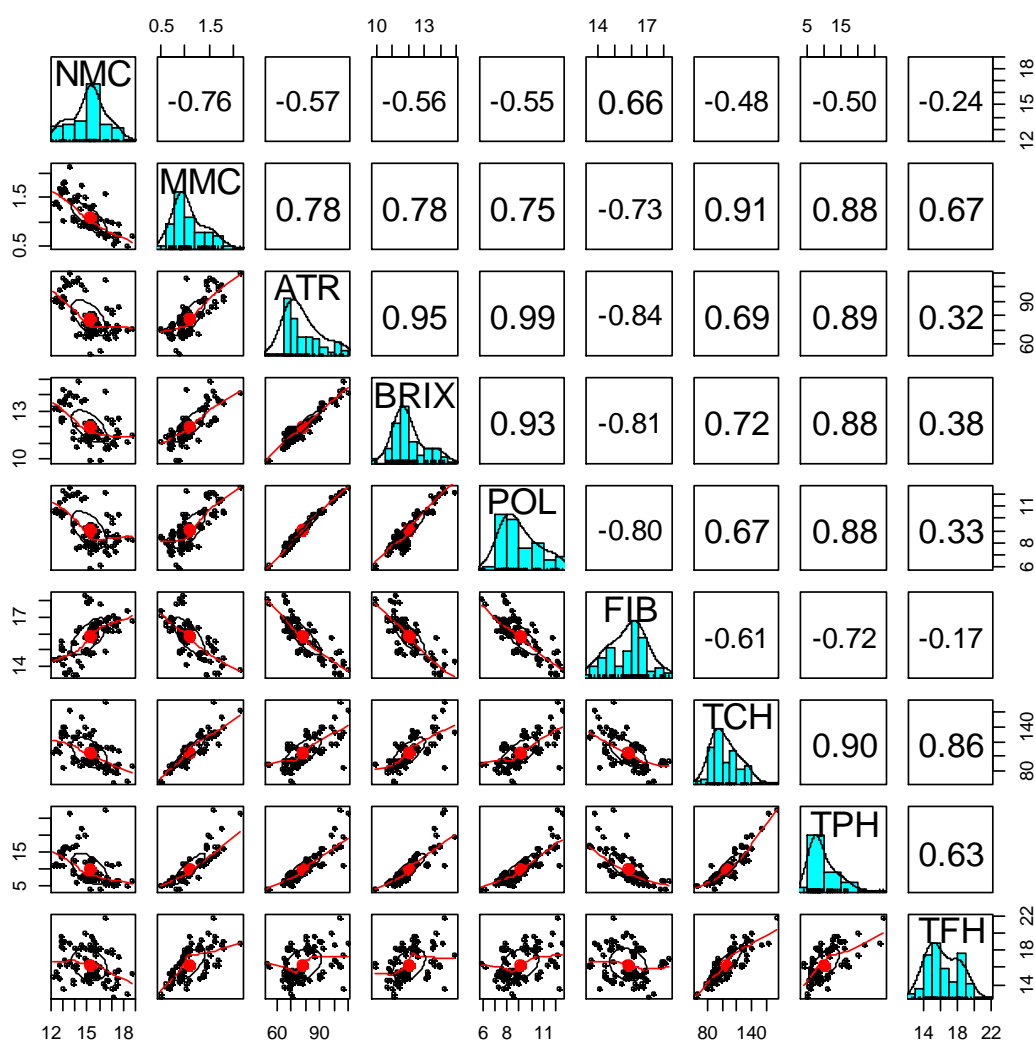


Figura 1 – Correlação genética entre os caracteres: número médio de colmos por metro (NMC), massa média de colmo em quilogramas (MMC), açúcar total recuperável em quilogramas por tonelada de cana moída (ATR), teor de sólidos solúveis em percentagem (BRIX), teor de sacarose aparente em percentagem (POL), teor de fibra em percentagem (FIB), tonelada de colmos por hectare (TCH), tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de fibra por hectare (TFH). A diagonal principal é composta pelos histogramas de distribuição dos dados de cada carácter; na parte superior da matriz são os coeficientes de correlação genética e na parte inferior a dispersão gráfica e linha de tendência da regressão.

A correlação observada entre POL e FIB foi de -0,80 (Figura 1), indicando que o aumento em um dos caracteres ocasiona a diminuição no outro carácter, porém, isso não impede que alguns clones possam apresentar, simultaneamente, valores elevados para os dois caracteres, conforme pode ser observado na Figura 2, onde é possível identificar clones com médias para POL e FIB acima da média geral, a exemplo dos clones PRBIO12304, PRBIO12108, PRBIO12111, PRBIO1212, PRBIO1222 e PRBIO1229.

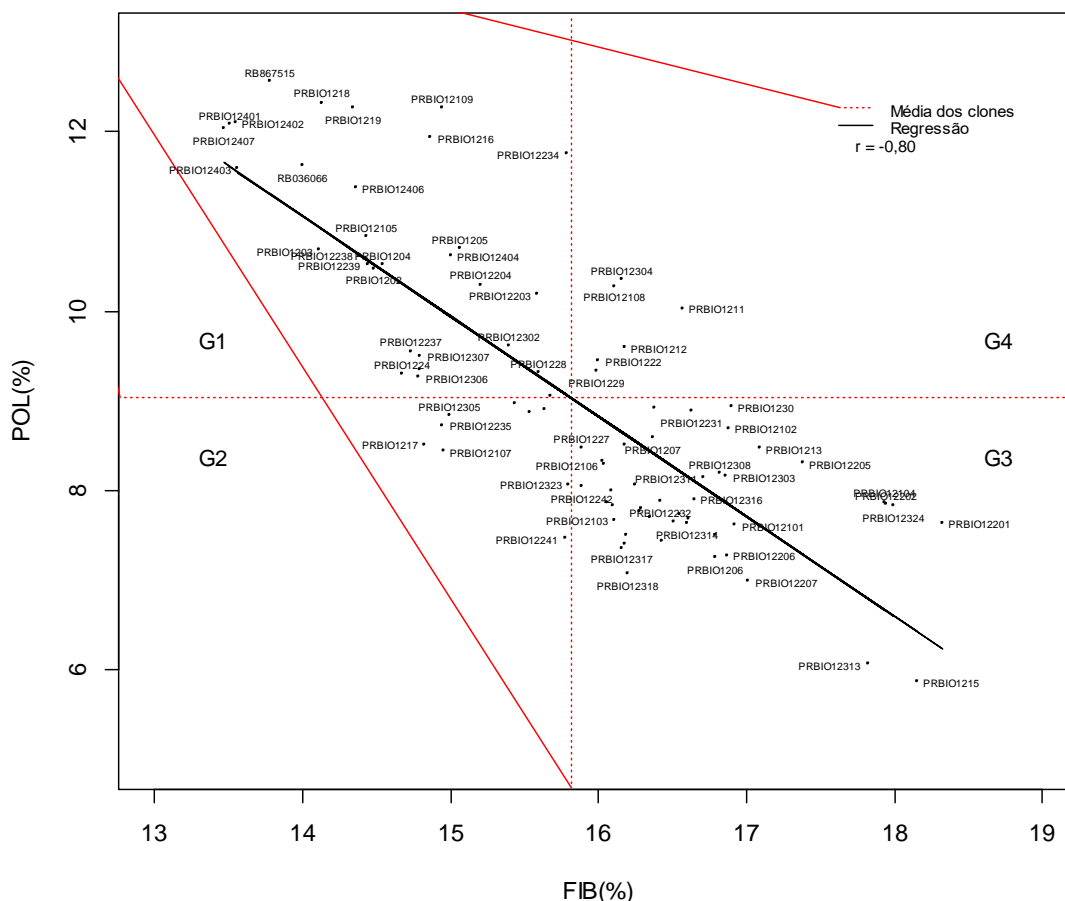


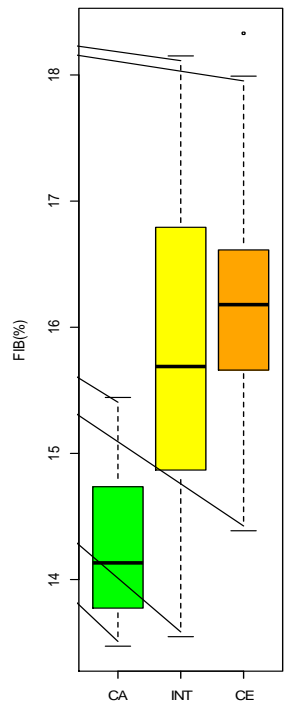
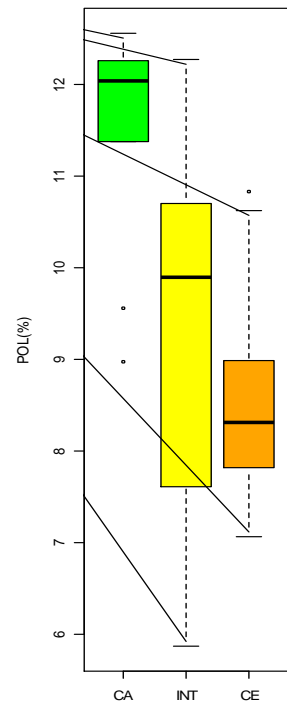
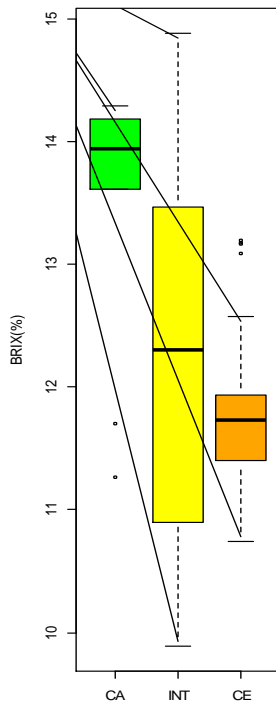
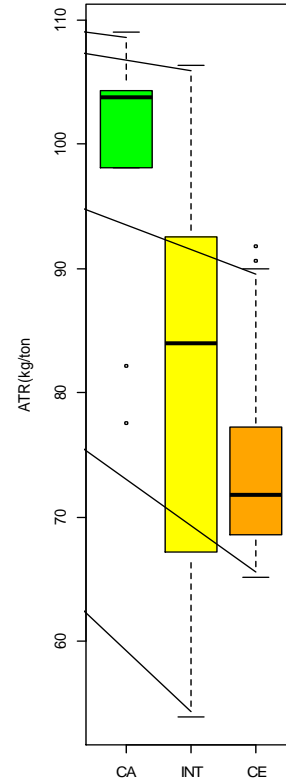
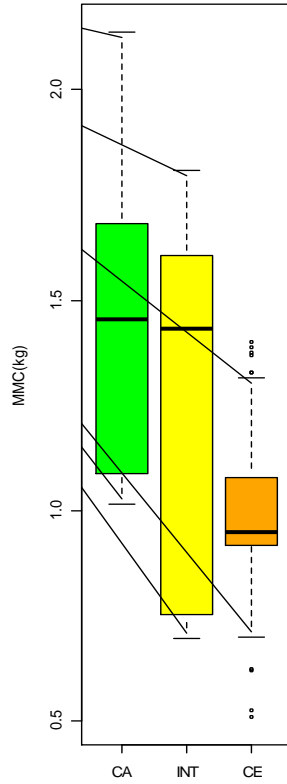
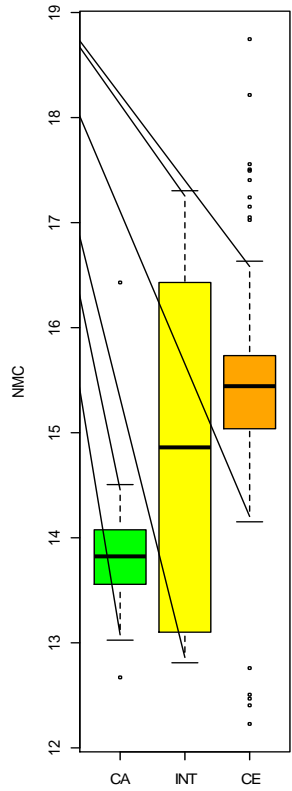
Figura 2 – Dispersão gráfica de 90 clones, linha de tendência da regressão e correlação ($r=-0,80$) entre os caracteres teor de sacarose aparente (POL) e teor de fibra (FIB).

Na avaliação dos 90 clones foi possível observar a formação de 4 grupos, onde o grupo 1 (G1) é composto por 30 clones com teores de fibra (FIB) abaixo da média populacional mas com teores de sacarose (POL) aparente acima da média; o grupo 2 (G2) apresentou 9 clones de valores de FIB e POL menores que a média geral; o grupo 3 (G3) com quase 48% dos clones avaliados, ou seja, com 45 clones com teores de fibra acima da média, mas com baixos teores de sacarose aparente; e o grupo 4 (G4) em que 6 clones

apresentaram valores de FIB e POL acima da média populacional (Figura 2) e estão classificados entre os 40 de maior TCH, dentre eles podemos destacar os clones: PRBIO12304, PRBIO12108, PRBIO12111, PRBIO1212 (todos irmãos do cruzamento IM76-228 × RB867515) e PRBIO1222 (RB83102 × IM76-229) (Tabela 2 e Figura 2), já citados anteriormente.

Foram gerados gráficos box-plot para avaliar a variabilidade genética presente na população clonal descendente das famílias CA, INT e CE, para todos os caracteres avaliados (Figura 3).

Na figura 3 pode ser observado que para os caracteres NMC, ATR, BRIX, POL e FIB, houve menor variabilidade nas famílias CA, com a presença de alguns outliers e valores da mediana superiores para os caracteres tecnológicos ATR, BRIX e POL. Nas famílias INT, ocorreu uma maior amplitude entre as médias, demonstrando maior variabilidade para os caracteres MMC, ATR, BRIX, POL, FIB, além da ausência de outliers e valores da mediana intermediários para os caracteres avaliados, exceto para TFH (Figura 3). As famílias CE apresentaram as menores amplitudes para os caracteres MMC, TCH e TPH, com um número elevado de outliers principalmente para NMC e MMC, indicando a presença de indivíduos transgressivos, além de valores de mediana superiores para os caracteres FIB e NMC.



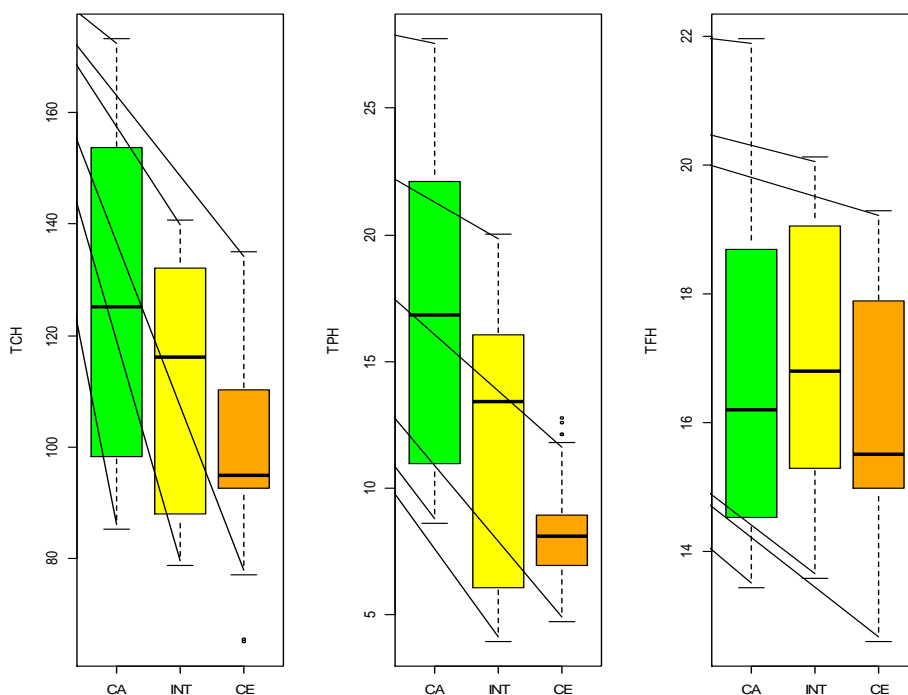


Figura 3 – Box-plot dos caracteres: número médio de colmos por metro (NMC), massa média de colmo em quilogramas (MMC), açúcar total recuperável em quilogramas por tonelada de cana moída (ATR), teor de sólidos solúveis em porcentagem (BRIX), teor de sacarose aparente em porcentagem (POL), teor de fibra em porcentagem (FIB), tonelada de colmos por hectare (TCH), tonelada de sacarose por hectare (TPH) e tonelada de fibra por hectare (TFH) nas famílias classificadas como cana-de-açúcar (CA), intermediária (INT) e energia (CE).

A partir das médias genóticas das famílias para os caracteres componentes da produção: POL, FIB, NMC e MMC, foi possível avaliar a variabilidade genética presente nos cruzamentos realizados (famílias), fazendo uso da análise de componentes principais (ACP) (Figura 4).

A dispersão gráfica a partir dos escores obtidos na ACP permitiu a visualização da diversidade genética entre as famílias e uma nítida separação, principalmente entre as famílias CA e as famílias CE. Algumas famílias INT ficaram mais próximas das CA, enquanto outras foram agrupadas com as famílias CE (Figura 4).

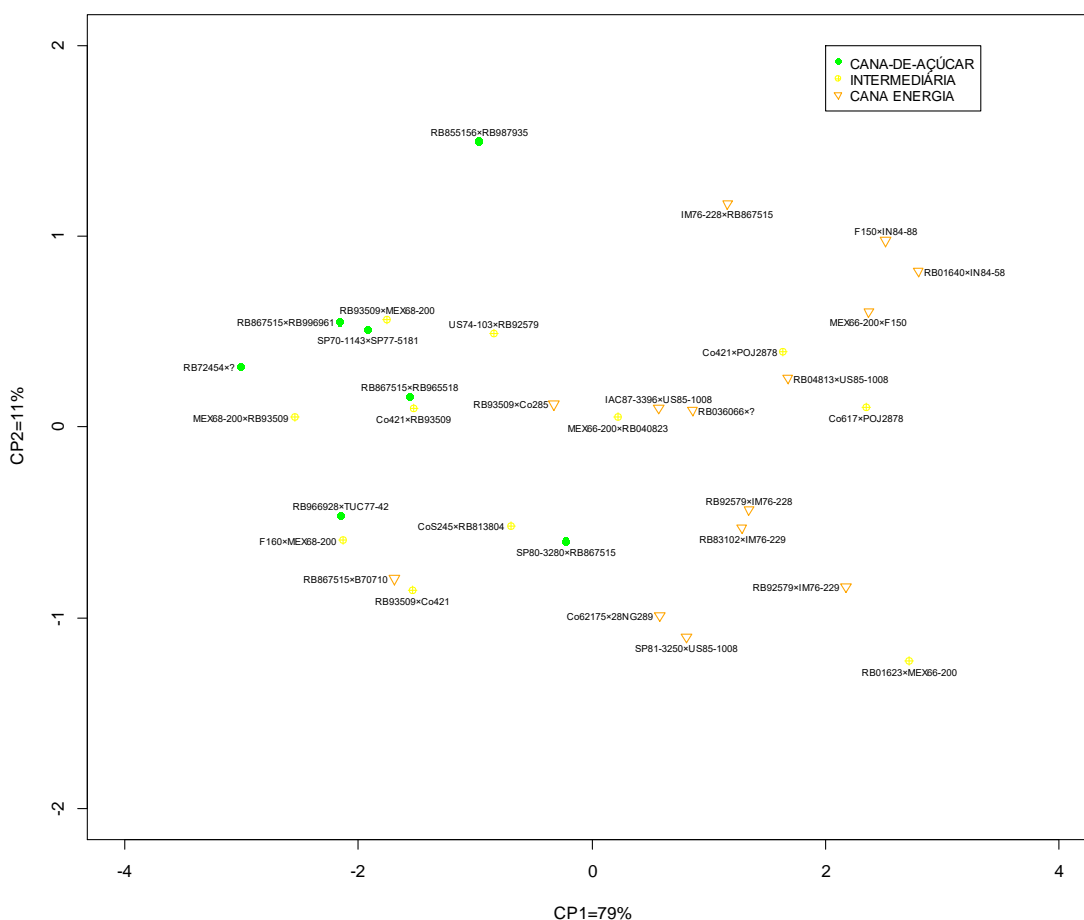


Figura 4 – Distribuição das famílias a partir dos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) demonstrando a dispersão das 32 famílias avaliadas e classificadas em família de cana-de-açúcar (CA), família intermediária (INT) e família de cana energia (CE), de acordo com a descendência.

A partir da análise de componentes principais (ACP) foi possível observar a presença de elevada variabilidade, conforme pode ser observado nas figuras 3 e 4. O primeiro componente principal explicou 79% da variação total, enquanto o segundo componente explicou 11%, portanto, os dois primeiros componentes principais explicaram 90% da variação total (Tabela 3), o que indica que a análise foi eficiente na avaliação da diversidade genética entre as famílias avaliadas. Isso permitiu a dispersão dos escores das famílias de forma satisfatória, havendo pouca distorção no gráfico gerado (Figura 4), tendo em vista que os eixos são os referidos componentes.

Os caracteres FIB e MMC apresentaram altas correlações com o primeiro componente principal, com os respectivos valores de 0,9279 e -0,9121. Os demais caracteres POL e NMC, também apresentaram correlações elevadas, -0,88 e 0,82,

respectivamente, demonstrando a importância de todos os caracteres para a análise de diversidade (Tabela 3). O caracter NMC apresentou a maior correlação (0,5318) com o segundo componente principal (CP2) (Tabela 3).

Tabela 3 – Variâncias (λ_i), proporção da variância total explicada (% Explicada) e os coeficientes de correlação entre os caracteres componentes da produção (POL, FIB, NMC e MMC) e cada componente principal (CP).

CP	λ_i	% Explicada	Caracteres			
			POL*	FIB	NMC	MMC
CP1	3,1668	79,17	-0,8868	0,9279	0,8291	-0,9121
CP2	0,4696	11,74	0,4037	-0,1438	0,5318	-0,0554
CP3	0,2387	5,97	-0,0149	0,2622	0,1232	0,3931
CP4	0,1250	3,12	-0,2246	-0,2225	0,1210	0,1020

*POL: teor de sacarose aparente, em percentagem; FIB: teor de fibra, em percentagem; NMC: número médio de colmos; e MMC: massa média de colmo.

Santchurn et al. (2012) e Ramos et al. (2017) ao realizarem a ACP usando caracteres tecnológicos observaram elevada correlação dos caracteres de qualidade da cana-de-açúcar com o CP1, concordando com os resultados obtidos no presente trabalho. Esses resultados demonstram a importância dos caracteres tecnológicos e de produção no processo de avaliação da diversidade genética em famílias de cana-de-açúcar.

É possível selecionar genótipos de cana energia para múltiplas finalidades, conforme já relatado por Wang et al. (2008), Santchurn et al. (2014), Silveira et al. (2016) e Ramos et al. (2017). No grupo 1 (G1) os 30 clones apresentam teores de fibra e sacarose semelhantes aos teores encontrados em variedades comerciais, com destaque para o clone PRBIO12109. O grupo 2 (G2) foi formado por nove clones. Esse grupo é composto por indivíduos com baixo conteúdo de sacarose e teor de fibra acima dos valores encontrados em variedades comerciais. O grupo 3 (G3) é composto por 45 clones e se destaca por incluir indivíduos com alto teor de fibra, acima de 18%. Os genótipos desse grupo apresentam elevado potencial para uso na cogeração de energia. Também é possível selecionar indivíduos com elevado teor de fibra e com os níveis de sacarose das variedades atuais, como é o caso dos seis indivíduos do grupo 4 (Figura 2).

Santchurn et al. (2012), encontraram correlação negativa entre fibra e sacarose e enfatizam a dificuldade de selecionar indivíduos para ambos caracteres simultaneamente. Entretanto, Kennedy (2008), Silveira et al. (2016) e Ramos et al. (2017) evidenciam a possibilidade de manter o teor atual de sacarose e elevar o teor de fibra das futuras variedades. De acordo com Kennedy (2008), a cana-de-açúcar tem duas fases distintas no ciclo anual: a fase de crescimento, que corresponde à época chuvosa, momento em que ocorre o acúmulo de fibra, enquanto a sacarose é acumulada na fase de amadurecimento, quando cessa o crescimento vegetativo e ocorre o estresse hídrico. Portanto, esses componentes da matéria seca não competem entre si pelos fotoassimilados (Ramos et al., 2017).

No presente trabalho foi possível obter genótipos com elevados teores de fibra e sacarose com poucos genitores de *S. spontaneum* e *S. robustum*, ou seja, ficou demonstrada 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 variedades atuais. Isso comprova o potencial existente na exploração da variabilidade genética presente no gênero *Saccharum*. Portanto, conforme já discutido em trabalhos de Silveira et al. (2016) e Ramos et al. (2017) 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 variedades de cana-de-açúcar.

Os cruzamentos intra e interespecíficos envolvendo o complexo *Saccharum* devem ser intensamente explorados, visando incrementar o teor de fibra nas futuras variedades. Além disso, devido a expansão do cultivo da cana-de-açúcar que vem ocorrendo nos últimos anos no Brasil e em outros países, principalmente em áreas com restrições edafoclimáticas, o cruzamento das variedades atuais com descendentes de *S. spontaneum* e *S. robustum*, também pode contribuir para a introgressão de alelos responsáveis por proporcionar uma maior longevidade dos canaviais, além de alelos para maior capacidade de perfilhamento, características importante devido ao rápido crescimento da mecanização na cultura, além de resistência aos principais estresses bióticos e abióticos de ocorrência na cana-de-açúcar.

É importante destacar que embora os clones selecionados nesse trabalho apresentem características industriais interessantes para a produção de cana energia, eles precisam possuir alta capacidade de produção de biomassa ao longo das safras, resistência as principais pragas e doenças, além de longevidade de socaria. Portanto, novas

avaliações e seleções serão realizadas de forma continuada visando selecionar futuros genitores para o programa de melhoramento de cana energia e a obtenção de variedades que possam atender as demandas do setor sucroenergético.

4. CONCLUSÃO

A população avaliada apresenta elevada variabilidade genética, com valores elevados de acurácia para os caracteres massa média de colmo, teor de sólidos solúveis, tonelada de sacarose por hectare e tonelada de colmos por hectare, indicando uma condição favorável para a seleção clonal e a possibilidade de ganhos genéticos.

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.

BERED, F.; BARBOSA-NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Genetic variability in common wheat germplasm based on coefficients of parentage. **Genetics and Molecular Biology**, v.25, n.2, p.211-215, 2002.

BRASILEIRO, B. P.; MARINHO, C. D.; COSTA, P. M. A.; MOREIRA, E. F. A.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P (2014) 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, 2014a.

BRASILEIRO, B. P.; MARINHO, C. D.; COSTA, P. M. A.; CURSI, D. E.; PETERNELLI, L. A.; RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Genetic diversity and coefficient of parentage between clones and sugarcane varieties in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.9005-9018, 2014b.

CESAR, L. E. V.; BRUZI, A. T.; NUNES, J. A. R.; ANDRADE, L. A. B.; LOPES, M. F.; SALES, L. R.; MOURÃO, M. M. Genetic divergence of sugarcane varieties collected in the region of Lavras, Minas Gerais, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.14, p.14043-14049, 2015.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 586p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, v.2, 2014. 688p.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

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.

DUTRA FILHO, J. A.; BASTOS, G. Q.; RESENDE, L. V.; MELO, L. J. O. T. Avaliação agroindustrial e dissimilaridade genética em progênies e variedades RB de cana-de-açúcar. **Agropecuária Técnica**, João Pessoa, v. 32, p. 55-61, 2011.

KENNEDY, A. J. Prospects for combining high sucrose content with increased fibre to generate multi-purpose cane varieties. In: **Proceedings of the Conference of West Indies Sugar Technologists**, Jamaica, 2008.

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P. Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar usando análise multivariada associada a modelos mistos. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, p. 125-134, 2014.

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**. 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.

RAMOS, R. S.; BRASILEIRO, B. P.; SILVEIRA, L. C. I.; KIST, V.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection of parents, families and clones to obtain energy cane. **Agronomy Journal**, v.109, p.1-7, 2017.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

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

RESENDE, M. D. V. Software Slegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.330-339, 2016.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre variedades locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.1275-1284, 2002.

SANTCHURN, D.; RAMDOYAL, K.; BADALOO, M.G.H.; LABUSCHAGNE, M. From sugar industry to cane industry: evaluation and simultaneous selection of different types of high biomass canes. **Biomass and Bioenergy**, v.61, p.82-92, 2014.

SANTCHURN, D.; RAMDOYAL, K.; BADALOO, M.G.H.; LABUSCHAGNE, M. From sugar industry to cane industry: investigations on multivariate data analysis techniques in the identification of different high biomass sugarcane varieties. **Euphytica**, v.185, p.543-558, 2012.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L. J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, p.52-58, 2011.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A. Genetic diversity and coefficient of parentage among potential parents for obtaining energy cane cultivars. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 46, p. 358-368, 2015.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection in energy cane families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.298-306, 2016.

SHIMOYA, A.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, R. P.; PEREIRA, A. V.; CARNEIRO, P. C. S. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.971-980, 2002.

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.

WANG, L.; JACKSON, P. A.; LU, X., FAN, Y. H.; FOREMAN, J. W.; CHEN, X. K.; DENG, H. H.; FU, C.; MA, L.; AITKEN, K. S. Evaluation of sugarcane x *Saccharum spontaneum* progeny for biomass composition and yield components. **Crop Science**, v.48, p.951-96, 2008.

CAPÍTULO III

CANA ENERGIA: RESISTENTE ÀS PRINCIPAIS DOENÇAS DA CANA-DE-AÇÚCAR?

RESUMO

A cana-de-açúcar é uma cultura de grande importância mundial, sendo que a sua biomassa é matéria-prima para a produção de açúcar e etanol combustível. Mais recentemente, a cogeração de energia elétrica realizada por muitas unidades produtoras a partir dos “resíduos” da cultura vem ganhando cada vez mais importância econômica, o que tem gerado uma crescente demanda para o desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar, apresentando um novo biótipo com maior teor de fibra, denominadas de cana energia. A estratégia utilizada pelos melhoristas para desenvolver tais variedades, é o cruzamento de variedades atuais de cana-de-açúcar com acessos das espécies *Saccharum spontaneum* e *S. robustum*. Porém, existem poucos estudos sobre a ocorrência das principais doenças da cultura nos novos indivíduos gerados nos cruzamentos para obtenção da cana energia. Com a necessidade de compreender a resistência das famílias e dos clones de cana energia as principais doenças da cultura, o objetivo desse trabalho é avaliar, em condições naturais de campo, a ocorrência de doenças em famílias de cana-de-açúcar e de cana energia. As avaliações de doenças ocorreram em dois ensaios: na primeira fase de teste (T1) em famílias, com indivíduos oriundos de sementes (plântulas), obtidos de cruzamentos planejados e na segunda fase de teste (T2), com os clones selecionados na fase T1. Na fase T1, o delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com quatro repetições e as avaliações foram realizadas no ciclo de cana soca, em novembro de 2014. A fase T2 foi instalado no delineamento em blocos incompletos e as avaliações foram realizadas no ciclo de cana planta em dezembro de 2015. As doenças detectadas nas fases T1 e T2 foram: ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) e carvão (*Sporisorium scitamineum*). Foi avaliada a incidência de indivíduo com carvão (IIC) na fase T1 e a incidência de perfilhos com carvão (IPC) nas duas fases de testes (T1 e T2). A avaliação da ferrugem ocorreu por meio de notas que variaram de 1 (sem doença) a 9 (maior severidade), a partir da escala diagramática utilizada para a cultura. No ensaio de famílias da fase T1, a IIC nas famílias de cana energia (CE) foi de 16,97% com 10,46% de IPC; nas famílias intermediárias (INT) a IIC foi de 7,41% com IPC de 4,81%; as famílias de cana-de-açúcar (CA) apresentaram maior resistência, com IIC de 2,87% e IPC de 1,72%. Para ferrugem marrom, as notas médias foram de: 1,31 para a família CA, 3,57 para INT e 3,39 para CE. Na fase T2, foi observada a ocorrência das duas doenças nos clones selecionados, mas com baixa frequência e baixo nível de intensidade. De acordo com os resultados obtidos nas duas fases de seleção é possível concluir que as famílias e clones de cana energia são suscetíveis ao carvão e a ferrugem marrom e a elevada incidência dessas doenças nas populações de cana energia tem dificultado o processo de seleção de clones promissores, fazendo com que o melhorista opte por descartar clones com elevado teor de fibra e boa produtividade em consequência da sua suscetibilidade a essas doenças.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., *Puccinia melanocephala*, *Sporisorium scitamineum*, biomassa, melhoramento vegetal.

ENERGY CANE: RESISTANT TO MAJOR DISEASES OF SUGARCANE?

ABSTRACT

The sugarcane is a very important crop in Brazil, with its biomass raw material for the production of sugar and ethanol fuel. More recently, the electricity cogeneration carried out by many production units has been gaining more and more economic importance, which has generated a growing demand for the development of new varieties of sugarcane, and that they present a new biotype, that is with higher fiber content, the so-called energy cane. The strategy used by breeders to develop such varieties is the cross-breeding of current varieties of sugarcane with accesses of the species *Saccharum spontaneum* and *S. robustum*. However, there are few studies on the occurrence of the main diseases of the culture in the new individuals generated in the crossings to obtain the energy cane. With the need to understand the resistance of families and clones the energy cane to the main diseases of the crop, the objective of this work is to evaluate, in natural field conditions, the occurrence of diseases in families of sugarcane and energy cane. The disease evaluations occurred in two experiments: in the first test phase (T1) in families, with individuals from seed (seedlings), obtained from planned crosses and in the second test phase (T2), with the clones selected in phase T1. In phase T1, the experimental design was randomized blocks, with four replications and the evaluations were carried out in the cana soca cycle, in November 2014. The phase T2 was installed in the incomplete block design and the evaluations were performed in the cane plant cycle in December 2015. The diseases detected in phases T1 and T2 were: brown rust (*Puccinia melanocephala*) and smut (*Sporisorium scitamineum*). The incidence of individual with smut (IIC) in the T1 phase and the incidence of smut stalks (IPC) in the two test phases (T1 and T2) were evaluated. The evaluation of rust occurred through grades varying from 1 (without disease) to 9 (greater severity), from the diagrammatic scale used for the crop. In families test phase T1, the IIC in energy cane families (EC) was 16.97% with 10.46% of IPC; in the intermediate families (INT) the IIC was 7.41% with IPC of 4.81%; the sugarcane families (CA) presented higher resistance, with IIC of 2.87% and IPC of 1.72%. For brown rust, the average scores were: 1.31 for the CA family, 3.57 for INT and 3.39 for CE. In phase T2, the occurrence of the two diseases in the selected clones was observed, but with low frequency and low level of intensity. According to the results obtained in the two phases of selection it is possible to conclude that sugar cane families and clones are susceptible to brown coal and rust and the high incidence of these diseases in sugar cane populations has made it difficult to select promising clones, causing the breeder chooses to discard clones with high fiber content and productivity as a result of their susceptibility to these diseases.

Keywords: *Saccharum* spp, *Puccinia melanocephala*, *Sporisorium scitamineum*, biomass, plant breeding.

1. INTRODUÇÃO

A biomassa vem sendo apontada como uma das principais alternativas para a diversificação da matriz energética e tem despertado interesse do setor sucroenergético em função do potencial de crescimento da demanda por energia renovável nos próximos anos (Vichi e Mansor, 2009).

Com a possibilidade de utilização da biomassa para cogeração de energia elétrica e produção de etanol celulósico de forma rentável, tem surgido novas linhas de pesquisa com a cultura da cana-de-açúcar no Brasil e em outros países, que visam principalmente aumentar o teor de fibra e a produção de biomassa das futuras variedades (Dal-Bianco et al., 2012; Matsuoka et al., 2014; Silveira et al., 2016; Ramos et al., 2017).

As espécies *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum* apresentam elevados teores de fibra se comparadas com as variedades atuais (*Saccharum* spp.). Para incrementar o teor de fibra das futuras variedades, alguns pesquisadores propõem explorar cruzamentos envolvendo acessos dessas espécies com as variedades de cana-de-açúcar de alta performance comercial, objetivando gerar variedades de alta produção de fibra, denominadas de cana energia (Ming et al., 2006; Wang et al., 2008; Silveira et al., 2015a; Silveira et al., 2015b; Silveira et al., 2016; Ramos et al., 2017).

Para muitos melhoristas de plantas, após as hibridações, se faz necessário o estudo das famílias, realizando a seleção individual naquelas com valores genotípicos elevados, aumentando a probabilidade de encontrar clones superiores nas suas progênes (Simmonds, 1996; Kimbeng e Cox, 2003; Barbosa et al., 2005; Resende e Barbosa, 2006). Vários pesquisadores têm demonstrado a importância desses trabalhos, por promoverem ganhos genéticos e contribuir para o desenvolvimento de novas variedades (Stringer et al., 2011; Oliveira et al., 2011; Barbosa et al., 2012; Zeni Neto et al., 2013; Brasileiro et al., 2016).

No estudo de famílias, também deve-se levar em consideração a reação dos genótipos as doenças nas condições naturais de campo, como tem sido realizado nos trabalhos com a cultura do maracujazeiro (Oliveira et al., 2013), batata (Okita et al., 2014) e milho (Vaz-de-Melo et al., 2010; Camochena et al., 2012). Com a cultura da cana-de-açúcar, poucos trabalhos têm contribuído com essas informações (Ido et al., 2006, Balsalobre et al., 2016).

No caso da cana energia, muitos pesquisadores concordam que as espécies *S. spontaneum* e *S. robustum*, devem ser usadas para a introgressão de genes de resistência

às principais doenças que afetam a cultura da cana-de-açúcar (Alexander, 1985; Giamalva et al., 1985; Ming et al., 2006; Eggleston et al., 2007; Wang et al., 2008; Tew e Cobill, 2008; León et al., 2010; Matsuoka et al., 2014; Hoang et al., 2015).

A ferrugem marrom é uma das principais doenças da cana-de-açúcar, esse fungo parasita os tecidos foliares, exibindo pústulas salientes, sintomas típicos das ferrugens, de fácil diagnose em campo (Tokeshi e Rago, 2005). Nas condições de cultivo no Brasil foram verificadas redução de até 47% na produtividade, sendo que para as variedades mais suscetíveis, esses danos podem ultrapassar 60% (Matsuoka, 1993). A obtenção de plantas resistentes é a única medida econômica de controle da ferrugem (Tokeshi e Rago, 2005). A herdabilidade da resistência à doença é alta, indicando que a eliminação de genitores suscetíveis é uma boa estratégia no processo de desenvolvimento de variedades resistentes (Hogarth et al., 1993; Ramdoyal et al., 2000).

Outra doença importante na cultura da cana-de-açúcar é o carvão, causado por um fungo que parasita os tecidos meristemáticos da planta, originando uma estrutura conhecida como “chicote”, sinal típico presente nos colmos infectados. Essa estrutura é uma alteração na morfologia do colmo e se apresenta afilada e recoberta com uma massa negra de teliósporos do fungo. O “chicote” é facilmente identificado no campo e permite a diagnose segura da doença (Tokeshi e Rago, 2005). O carvão é uma das principais doenças da cultura, visto que é considerado uma grande preocupação em todos os programas de melhoramento genético, fazendo com que os melhoristas optem pela seleção de genitores resistentes (Rago et al., 2009). Os danos relatados pela doença atingem níveis de 50% de redução de produtividade (Bergamin Filho et al., 1987), sendo registrados redução de até 73% na produtividade em soqueiras (Casagrande, 1998).

Diante da necessidade de desenvolver novas variedades que atendam as demandas atuais e futuras do setor sucroenergético, genitores antes não utilizados nos programas de hibridação da cana-de-açúcar, a exemplo de acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum*, passaram a despertar o interesse dos melhoristas, principalmente, devido a necessidade de um novo biótipo para a cultura, ou seja, a busca por variedades de cana energia, trouxe uma nova demanda e novos genitores foram incorporados aos programas de hibridação.

Com a necessidade de compreender a resistência das famílias e dos clones de cana energia as principais doenças da cultura, o objetivo desse trabalho é avaliar, em condições naturais de campo, a ocorrência de doenças em famílias de cana-de-açúcar e de cana energia.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Primeira Fase de Teste (T1)

A realização dos cruzamentos ocorreu no ano de 2012, na Estação de Florescimento e Cruzamento Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas (UFAL), localizada no município de Murici, no estado de Alagoas, Brasil (latitude 9°13' S, longitude 35°50' W e altitude de 450 m) e na Estação de Floração de Devaneio, da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), localizada no Município de Amaraji, no estado de Pernambuco, Brasil (latitude 8°19,8' S, longitude 35°24,8' W e altitude de 514 m).

As cariopses originadas dos cruzamentos, após beneficiamento, foram enviadas para a Estação Experimental de Paranavaí, pertencente a Universidade Federal do Paraná, no município de Paranavaí, no estado do Paraná, com latitude de 23°05'S, longitude de 52°27'W, altitude de 503 m e solo do tipo LVE, de textura arenosa (16% de argila).

Foram realizados o semeio, a obtenção das plântulas e a instalação do experimento (T1) no mês de fevereiro de 2013. Nessa fase foram avaliadas 30 famílias (Tabela 1) no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. Cada parcela foi constituída de 20 plântulas, espaçadas em 0,50 m, distribuídas em dois sulcos de 5 m de comprimento, espaçados em 1,40 m, totalizando 2.400 plântulas.

O corte da cana planta ocorreu em dezembro de 2013. As avaliações de doenças foram realizadas no ciclo de cana soca, em novembro de 2014, com 11 meses de idade época de bastante favorável para a maioria das doenças importantes para a cultura.

No ensaio de T1, as 30 famílias foram classificadas de acordo com as suas genealogias (tipo de família), conforme apresentado a seguir: cinco famílias de cana-de-açúcar (CA), obtidas em cruzamentos entre clones e variedades convencionais de cana-de-açúcar; 13 famílias de cana energia (CE) obtidas em cruzamentos entre clones das espécies *S. spontaneum* e *S. robustum* com híbridos de cana-de-açúcar; e 12 famílias intermediárias (INT), que envolveram o cruzamento de clones de segunda e terceira geração de *S. spontaneum* com híbridos de cana-de-açúcar (Tabela 1).

2.2. Segunda Fase de Teste (T2)

Foram selecionados 88 clones que não apresentaram doenças, em 28 famílias da fase T1. Esses clones, juntamente com duas variedades comerciais (RB867515 e RB036066), foram utilizados na instalação da segunda fase de teste (T2) em dezembro

de 2014, totalizando 90 genótipos pertencentes a 30 famílias (Tabela 1), sendo 9 clones de família de cana-de-açúcar (CA), 60 clones de famílias de cana energia (CE) e as 21 clones de famílias intermediárias (INT).

O plantio do T2 ocorreu em dezembro de 2014, na Estação Experimental de Paranaíba, da Universidade Federal do Paraná, no município de Paranaíba-PR, no estado do Paraná, com latitude de 23°05'S, longitude de 52°27'W, altitude de 503 m e solo do tipo LVE, de textura arenosa (16% de argila).

Na instalação do experimento foi utilizado o delineamento em blocos incompletos, totalizando 5 blocos, 4 deles com 20 parcelas e 1 com apenas 14 parcelas. Cada parcela experimental foi constituída por dois sulcos de 5 m de comprimento, espaçados em 1,40 m, com o plantio de 18 gemas por metro. A avaliação de doenças foi realizada dezembro de 2015, no ciclo de cana planta com 12 meses de idade.

Tabela 1 – Genitores das 32 famílias avaliadas na primeira e segunda fases de testes (T1 e T2) e a classificação dos cruzamentos (Tipo).

Famílias*			Famílias*		
Mãe	Pai	Tipo	Mãe	Pai	Tipo
RB855156 ⁽¹⁾	RB987935 ⁽¹⁾	CA	RB92579 ⁽¹⁾	IM76-229 ⁽³⁾	CE
RB867515 ⁽¹⁾	RB965518 ⁽¹⁾	CA	Co62175 ⁽¹⁾	28NG289 ⁽³⁾	CE
RB867515 ⁽¹⁾	RB996961 ⁽¹⁾	CA	RB93509 ⁽¹⁾	Co285 ⁽⁴⁾	CE
RB966928 ⁽¹⁾	TUC77-42 ⁽¹⁾	CA	SP81-3250 ⁽¹⁾	US85-1008 ⁽⁴⁾	CE
SP80-3280 ⁽¹⁾	RB867515 ⁽¹⁾	CA	Co421 ⁽⁵⁾	POJ2878 ⁽⁶⁾	INT
RB72454	? ⁽²⁾	CA**	Co421 ⁽⁵⁾	RB93509 ⁽¹⁾	INT
SP70-1143	SP77-5181	CA**	CoS245 ⁽⁶⁾	RB813804 ⁽¹⁾	INT
F150 ⁽⁶⁾	IN84-88 ⁽²⁾	CE	Co617 ⁽⁵⁾	POJ2878 ⁽⁶⁾	INT
IAC87-3396 ⁽¹⁾	US85-1008 ⁽⁴⁾	CE	F160 ⁽⁶⁾	MEX68-200 ⁽⁶⁾	INT
IM76-228 ⁽³⁾	RB867515 ⁽¹⁾	CE	MEX68-200 ⁽⁶⁾	F150 ⁽⁶⁾	INT [‡]
RB01640 ⁽¹⁾	IN84-58 ⁽²⁾	CE	MEX68-200 ⁽⁶⁾	RB04823 ⁽¹⁾	INT
RB036066 ⁽¹⁾	? ⁽²⁾	CE	MEX68-200 ⁽⁶⁾	RB93509 ⁽¹⁾	INT
RB04813 ⁽¹⁾	US85-1008 ⁽⁴⁾	CE [‡]	RB01623 ⁽¹⁾	MEX68-200 ⁽⁶⁾	INT
RB83102 ⁽¹⁾	IM76-229 ⁽³⁾	CE	RB93509 ⁽¹⁾	Co421 ⁽⁵⁾	INT
RB867515 ⁽¹⁾	B70710 ⁽⁴⁾	CE	RB93509 ⁽¹⁾	MEX68-200 ⁽⁶⁾	INT
RB92579 ⁽¹⁾	IM76-228 ⁽³⁾	CE	US74-103 ⁽⁵⁾	RB92579 ⁽¹⁾	INT

*Tipos de famílias definidas a partir das informações genealógicas; ** genitores das variedades comerciais (RB867515 e RB036066, respectivamente); ‡Famílias que não foram avaliadas doenças nos clones em T2; CA: família de cana-de-açúcar; CE: família de cana energia; INT: família intermediária (2ª e 3ª geração de *S. spontaneum*). ⁽¹⁾ Híbrido de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), ⁽²⁾ *S. spontaneum*, ⁽³⁾ *S. robustum*, ⁽⁴⁾ 1ª geração de *S. spontaneum*, ⁽⁵⁾ 2ª geração de *S. spontaneum*, ⁽⁶⁾ 3ª geração de *S. spontaneum*, [‡] genitor desconhecido (cruzamento multiparental).

2.3. Avaliação das Doenças

As doenças que ocorreram nos experimentos foram: ferrugem marrom e carvão. Para a avaliação da ferrugem marrom, foram observadas as folhas +3 (Amorim et al.,

1987) de todos os perfilhos das parcelas nas duas fases (T1 e T2), para identificação dos níveis de severidade da doença em campo, utilizando-se o sistema de notas de uma escala diagramática específica (Amorim et al., 1987), com notas de 1 a 9, de acordo com o percentual da área do limbo foliar afetado pela doença (Figura 1). Com nota 1, o genótipo é considerado altamente resistente; 2 e 3, resistente; 4 a 6, moderadamente suscetível; e de 7 a 9, suscetível.

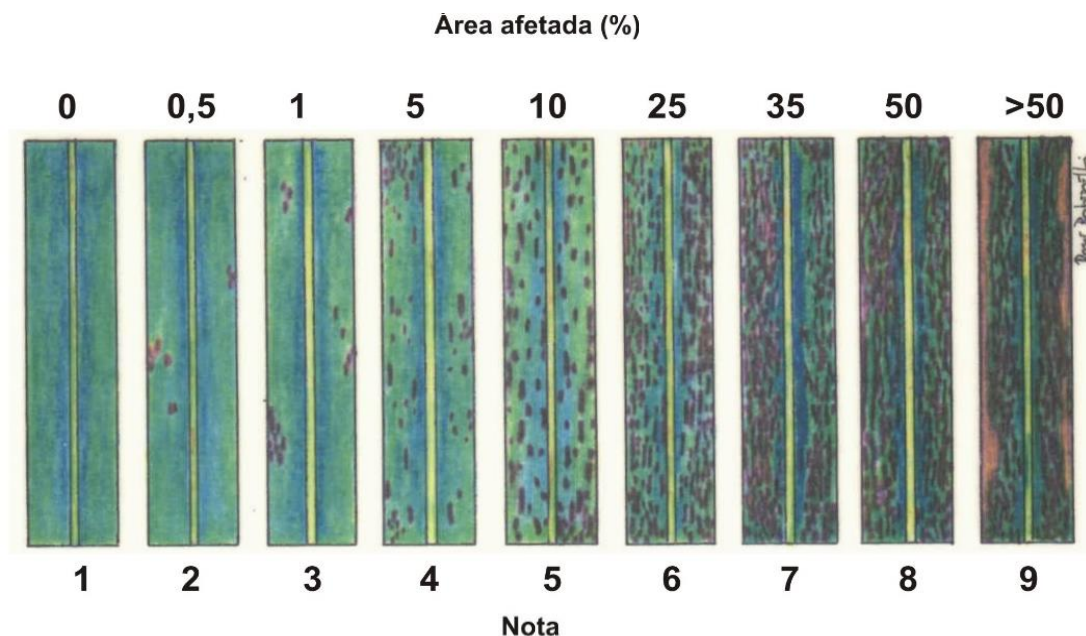


Figura 1 – Escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom, causada pelo fungo *Puccinia melanocephala* em folhas de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). Valores em porcentagem de área foliar lesionada (Amorim et al., 1987).

Na avaliação do carvão, foram determinadas a incidência de indivíduos com carvão (IIC), na fase T1, e a incidência de perfilhos com carvão (IPC) nas duas fases de testes (T1 e T2). Na fase T1, cada touceira corresponde a um indivíduo e foram contados o número total de indivíduos e o número de indivíduos infectados, ou seja, a presença de pelo menos um chicote na touceira. A IIC foi determinada pela razão entre o número de indivíduos infectados pela doença e o número total de indivíduos em cada parcela, indicando o percentual de incidência de carvão nas famílias. Para a IPC foi realizada a contagem do número total de perfilhos (colmos) e o número total de perfilhos com chicotes em cada parcela, e a razão entre total de chicotes e total de perfilhos na parcela determinou o percentual da IPC.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Ferrugem Marrom

Na avaliação realizada na primeira fase de teste (T1), as famílias de cana energia (CE) e intermediárias (INT) apresentaram maior suscetibilidade a ferrugem marrom, com as notas médias de severidade de 3,39 para CE e 3,57 para INT. As famílias de cana-de-açúcar (CA) apresentaram notas médias de 1,31 (Figura 2).

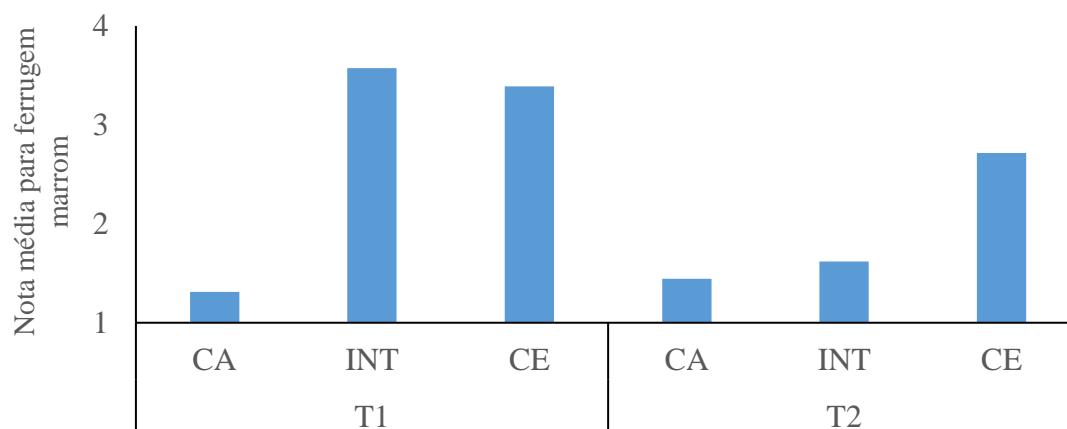


Figura 2 – Nota média conforme a escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas de cana-de-açúcar. T1: primeira fase de teste 1; T2: segunda fase de teste 2; CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia.

No ensaio de T2, preconizou-se a seleção de clones superiores em T1 sem a presença de doenças, mas houve escape para ferrugem marrom, principalmente dos indivíduos de cana energia. As famílias na fase T2 tiveram as seguintes notas médias: 1,44 para a família CA, 1,62 para a família INT e 2,72 para família CE (Figura 2).

Na fase T1, a frequência das famílias CA altamente resistentes (nota 1) foi de 80%, nas famílias INT a frequência foi de 8% e nas famílias CE, a frequência foi de 23,08% (Figura 3).

A maior frequência de notas 2 e 3, ocorreu nas famílias INT, com 41,67% das famílias apresentando essas notas, seguido das famílias CE com 30,77% e CA com 20%. As notas 2 e 3 não causam a diminuição da produtividade (Amorim et al., 1987).

Não foram identificadas famílias CA com notas médias de ferrugem marrom acima de 4, notas essas que interferem diretamente na produtividade (Amorim et al., 1987), enquanto que nas famílias CE e INT as frequências de notas médias acima de 4 foram de 46,15% e 50%, respectivamente (Figura 3). Na fase T1, as 11 famílias que mais

apresentaram a doença, com nota média acima de 4, foram: RB83102 × IM76-229 (família CE); MEX68-200 × F150 (INT); F150 × IN84-88 (CE); RB867515 × B70710 (CE); Co421 × POJ2878 (INT); RB93509 × Co285 (CE); IM76-228 × RB867515 (CE); F160 × MEX68-200 (INT); RB93509 × Co421 (INT); Co421 × RB93509 (INT); RB01623 × MEX68-200 (INT) (Figura 4).

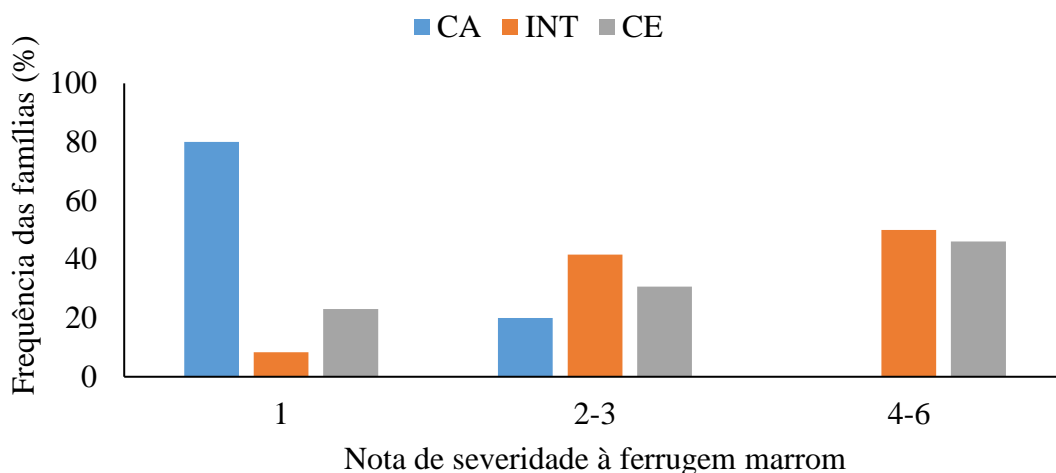


Figura 3 – Frequência das famílias em porcentagem conforme nota média da escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas de cana-de-açúcar na primeira fase de teste 1 (T1). CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia.

Na fase T2, dos nove clones da família CA que foram selecionados em T1, apenas um clone apresentou a doença (Tabela 2). Esse clone foi o único selecionado do cruzamento RB867515 × RB965518 e não apresentou a doença no T1, mas recebeu nota 5 em T2, considerado moderadamente suscetível. Em T1, esse cruzamento apresentou nota média de 2,67 para severidade, a única família do tipo CA que teve incidência da doença (Figura 4). Apesar dos seus genitores apresentarem resistência à ferrugem marrom, houve ocorrência da doença na progênie, tanto nos indivíduos de T1 como no indivíduo clonado que não apresentava a doença no momento da seleção.

Nas famílias INT, 17 clones selecionados mostraram alta resistência (nota 1) na fase T2 (Tabela 2). O cruzamento Co421 × RB93509 e o seu recíproco, RB93509 × Co421, apresentaram cinco clones com nota 1; o cruzamento F160 × MEX68-200 dois clones; e o cruzamento RB01623 × MEX68-200, um clone; essas famílias foram moderadamente suscetíveis à ferrugem marrom em T1 (Figura 4).

As famílias MEX68-200 × RB93509 e US74-103 × RB92579, tiveram clones selecionados e que apresentaram alta resistência na fase T2 (nota 1); ambas as famílias

tiveram notas médias entre 2,0 e 3,0 em T1 (Figura 4). As famílias CoS245 × RB813804 e RB93509 × MEX68-200, que apresentaram notas médias baixas para a ferrugem marrom em T1 (Figura 4), confirmaram a alta resistência (nota 1) nos clones avaliados na fase T2 (Tabela 2 e Figura 4).

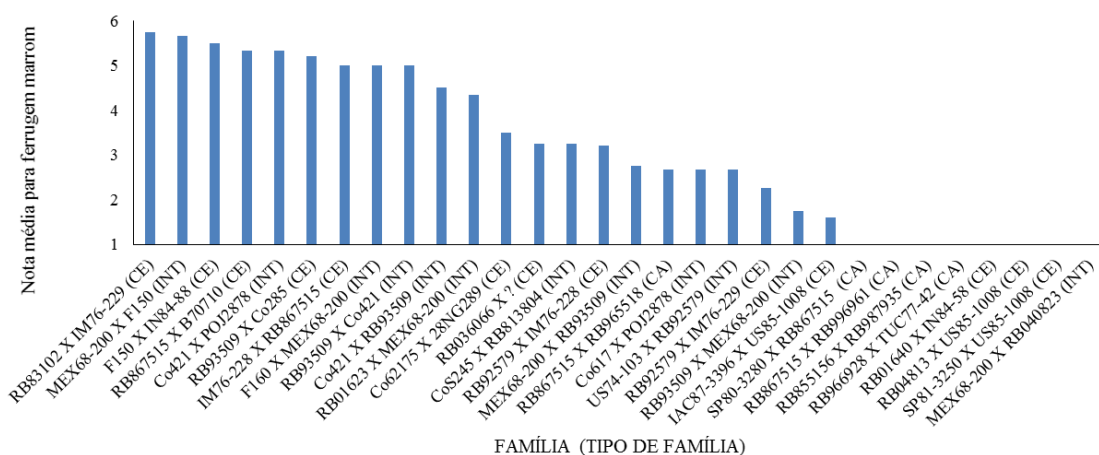


Figura 4 – Nota média conforme a escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas +3 de cana-de-açúcar durante a primeira fase de teste (T1). CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia.

O cruzamento Co617 × POJ2878, também família INT, que obteve nota média da família para ferrugem marrom de 2,67 em T1, tiveram sete clones selecionados para T2, dos quais: cinco foram resistentes (notas 1 e 3); um clone moderadamente suscetível (nota 5); e um clone como suscetível (nota 7) (Tabela 2 e Figura 4).

Nas famílias CE, os cruzamentos: IAC87-3396 × US85-1008, RB01640 × IN84-88 e SP81-3250 × US85-1008 foram altamente resistentes à ferrugem marrom, tanto na média da família em T1 como os clones em T2. Os cruzamentos: Co62175 × 28NG289, F150 × IN84-88, IM76-228 × RB867515, que apresentaram notas médias nas famílias entre 3,5 e 5,5, tiveram clones selecionados para o T2 com alta resistência (nota 1). As famílias RB867515 × B70710 e RB93509 × Co285, com notas médias das famílias em T1 superior à 5,20, apresentaram em T2, cinco clones com alta resistência (notas 1) e três clones suscetíveis (notas 8). O cruzamento RB92579 × IM76-229 também apresentou clones selecionados altamente resistentes (nota 1) e suscetíveis (nota 8), mas a família em T1 apresentou nota média menor para a doença, de 2,25. O cruzamento RB92579 × IM76-228, que obteve nota média de 3,20 em T1, teve a maioria dos clones selecionados com alta resistência (11 clones com nota 1) e os outros intermediários (dois clones com notas 3 e 4).

As famílias CE: RB036066 × ? e RB83102 × IM76-229, tiveram a maior quantidade de clones selecionados no T1, com 11 clones cada e apresentaram notas médias na fase T1 de 3,25 e 5,75, respectivamente. Na fase T2, a primeira família apresentou sete clones resistentes à ferrugem marrom (notas 1 a 3), dois moderadamente suscetíveis (notas 5 e 6) e dois suscetíveis (notas 7 e 8). No segundo cruzamento, quatro clones apresentaram resistência à ferrugem marrom, quatro clones moderadamente suscetíveis e três suscetíveis.

Tabela 2 – Quantidade de indivíduos com cada nota definida de acordo com a escala diagramática para avaliação de severidade da ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*) em folhas +3, percentagem de clones sem a doença (% sem doença) e com a doença (% com doença) em diferentes tipos de famílias, durante a segunda fase de teste (T2).

TIPO*	NOTA**				TOTAL	% SEM DOENÇA	% COM DOENÇA
	1	2-3	4-6	7-9			
CA	8	-	1	-	9	88,9	11,1
INT	17	2	1	1	21	81,0	19,0
CE	37	7	7	9	60	61,7	38,3

*CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. **Nota de severidade (1: resistente; 2-3: resistência moderada; 4-6: resistência intermediária; 7-9: suscetível. Total: total de clones estudados para cada tipo de família.

3.2. Carvão

Na primeira fase de teste (T1), as famílias de cana energia (CE) mostraram a maior suscetibilidade ao carvão, com IIC média de 16,97% e IPC média de 10,46%. Nas famílias intermediárias (INT) a IIC foi de 7,41% com IPC de 4,81%. As famílias de cana-de-açúcar (CA) apresentaram maior resistência à doença, com IIC de 2,87% e IPC de 1,72% (Figura 5).

Na segunda fase de teste (T2), os clones apresentaram carvão com menores incidências. O maior escape foi nas famílias CE, com IIC média de 2,25%. As famílias INT apresentaram IIC média de 1,19% e famílias CA, a média foi de 1,11% (Figura 5).

Na fase T1, as famílias CE apresentaram uma frequência total de 100% na incidência de carvão, onde: 7,69% das famílias apresentaram 1 a 5% de IIC; 15,39% das famílias com 5 a 10%; 30,77% das famílias com 10 a 20%; e 46,15% das famílias apresentaram uma IIC maior que 20% (Figura 6).

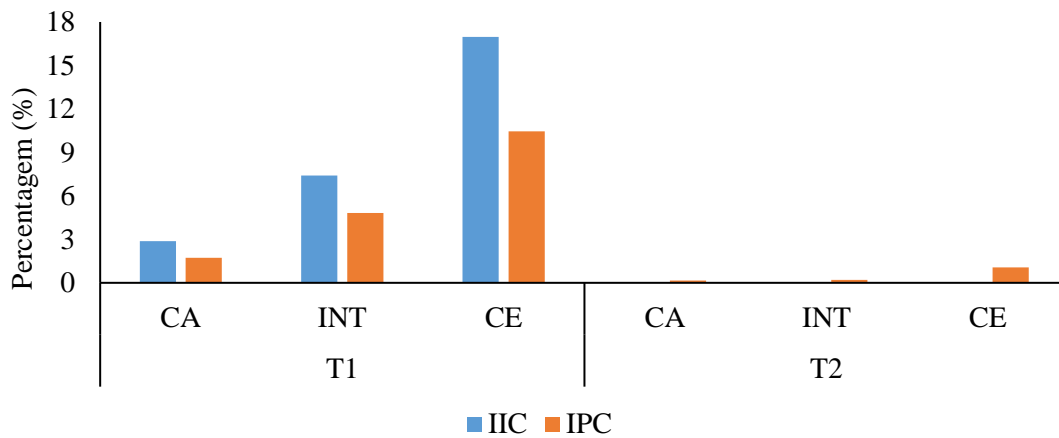


Figura 5 – Frequência das famílias com incidência de indivíduos com carvão (IIC) e incidência de perfis com carvão (*Sporisorium scitamineum*). T1: primeira fase de teste 1; T2: segunda fase de teste 2; CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia.

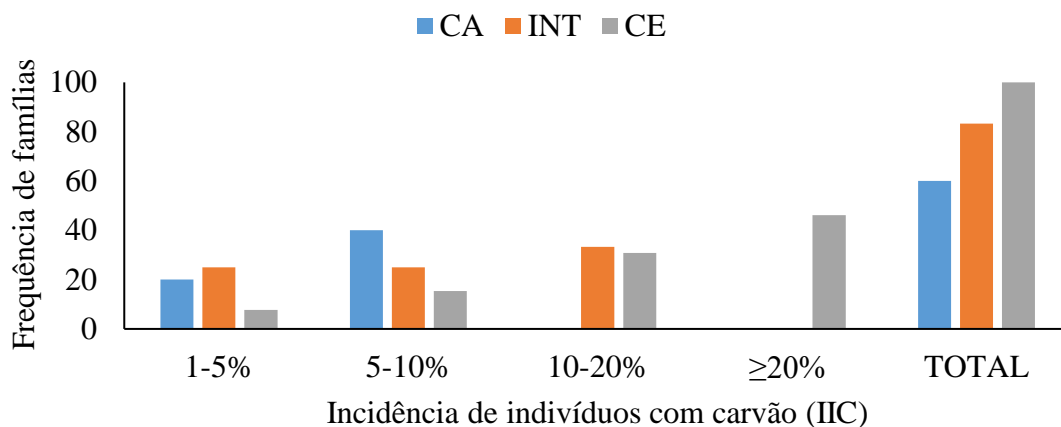


Figura 6 – Frequência de famílias com diferentes incidências de indivíduos com carvão (IIC) (*Sporisorium scitamineum*) na primeira fase de teste (T1). CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia.

As famílias com IIC acima de 10%, foram: RB92579 × IM76-229 (CE); RB92579 × IM76-228 (CE); RB01640 × IN84-58 (CE); RB83102 × IM76-229 (CE); IM76-228 × RB867515 (CE); RB036066 × ? (CE); F150 × IN84-88 (CE); RB04813 × US85-1008 (CE); RB01623 × MEX68-200 (INT); US74-103 × RB92579 (INT); CoS245 × RB813804 (INT); Co62175 × 28NG289 (CE); Co617 × POJ2878 (INT); RB93509 × Co285 (CE) (Figura 7).

Todos os cruzamentos com reação de maior suscetibilidade ao carvão são de famílias CE e INT, com a maior frequência observada em famílias de genitores das

espécies *S. robustum* (IM76-228, IM76-229 e 28NG289) e *S. spontaneum* (IN84-58 e “?”), sendo essa última uma denotação indicativa da utilização de vários genitores masculinos de *S. spontaneum* no cruzamento).

Na fase T1, os cruzamentos que não apresentaram IIC, foram: RB867515 × RB965518 (CA), RB966928 × TUC77-42 (CA), Co421 × POJ2878 (INT) e MEX68-200 × F150 (INT) (Figura 7), sendo que esses dois últimos cruzamentos, apresentaram notas acima de 5 para ferrugem marrom (Figura 4).

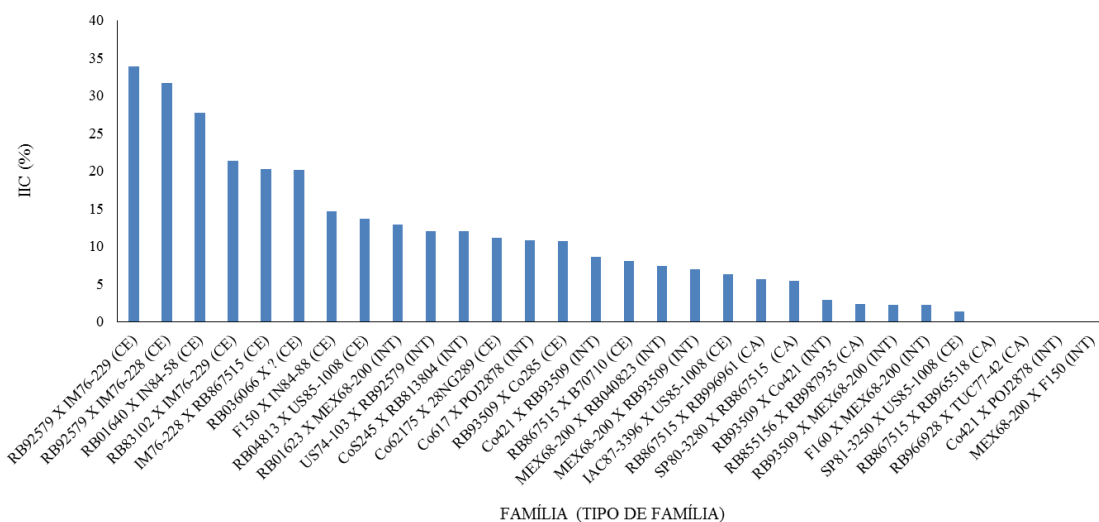


Figura 7 – Incidência de indivíduos com carvão (IIC) (*Sporisorium scitamineum*) nas famílias avaliadas na fase T1. CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia.

A maior IPC, durante a fase T1, foi no cruzamento RB01640 × IN84-58 (CE), com mais de 33% de perfilhos com chicotes (Figura 8). Os cruzamentos com IPC entre 10 e 20% foram: RB92579 × IM76-229 (CE); RB92579 × IM76-228 (CE); IM76-228 × RB867515 (CE); Co617 × POJ2878 (INT); US74-103 × RB92579 (INT); RB04813 × US85-1008 (CE); RB83102 × IM76-229 (CE); RB036066 × ? (CE). Em todas as famílias CE e INT, tanto em IPC como na IIC, tiveram a maior participação de genitores de *S. robustum* e *S. spontaneum* (IN84-58, IM76-228, IM76-229 e “?”).

Na fase T2, dos nove clones das famílias CA que foram selecionados em T1, apenas dois clones apresentaram carvão, sendo um clone do cruzamento RB855156 × RB987935 e o outro do cruzamento RB867515 × RB996961; a IPC foi baixa (1-5%) (Tabela 2). Na fase T1, essas famílias apresentaram carvão com baixa IIC (média de 2,38 e 5,63%, respectivamente) e baixa IPC (média de 1,17 e 2,38%, respectivamente) (Figuras 7 e 8).

Nas famílias INT, dos 21 clones selecionados, cinco apresentaram baixa IPC, entre 1 e 5% (Tabela 3), sendo: dois clones da família Co617 × POJ2878; um da família CoS245 × RB813804; um da família F160 × MEX68-200; e um clone da família RB93509 × Co421. Em T1, essas famílias tiveram comportamentos distintos: Co617 × POJ2878 e CoS245 × RB813804, apresentaram alta IIC (10,76 e 11,98%, respectivamente), e alta IPC (12,78% e 6,68%) (Figuras 7 e 8); F160 × MEX68-200 e RB93509 × Co421, apresentaram baixa IIC (2,22 e 2,86%, respectivamente) e baixa IPC (1,68 e 0,84%, respectivamente) (Figuras 7 e 8). Os outros 16 clones da família INT, não apresentaram carvão em T2 (Tabela 3), mesmo os clones de famílias que apresentavam alta IIC e alta IPC em T1, mostrando que a seleção foi eficiente.

Nas famílias CE, cinco clones selecionados apresentaram alta IPC no T2 (maior que 10%; Tabela 3), sendo: dois clones do cruzamento RB92579 × IM76-228; dois do RB036066 × ?; e um do F150 × IN84-88. No ensaio de T1, essas famílias foram suscetíveis ao carvão: a primeira família apresentou uma IIC média de 31,63% com IPC média de 18,15%; a segunda família apresentou IIC média de 20,17% com IPC média de 10%; e a terceira com IIC média de 14,63% e IPC média de 5,92%. Os outros 10 clones da família RB92579 × IM76-228 e sete da família RB036066 × ?, selecionados em T1, apresentaram alta resistência ao carvão na fase T2. A família RB036066 × ? ainda teve mais dois clones selecionados, que apresentaram resistência intermediária (1-5%; Tabela 3).

Na fase T2, dos quatro clones da família CE, do cruzamento IAC87-3396 × US85-1008, dois demonstraram resistência e os outros dois apresentaram carvão, com IPC de 5 a 10% (Tabela 3). Na fase T1, essa família apresentou IIC média de 6,33% e IPC de 1,62% (Figura 7).

Outras famílias CE que tiveram clones selecionados em T1 e que apresentaram alta resistência ao carvão no T2, foram: RB01640 × IN84-58, com dois clones; RB83102 × IM76-229 com nove clones; IM76-228 × RB867515 com quatro clones; F150 × IN84-88, com um clone; RB93509 × Co285 com quatro clones; e RB867515 × B70710 com três clones. O comportamento dessas famílias na fase T1 foi de suscetibilidade ao carvão, apresentando as seguintes IIC média: 27,70%, 21,33%, 20,22%, 14,63%, 10,71% e 8,09%, respectivamente (Figura 7). A IPC média foi de 33,60%, 10,70%, 15,32%, 5,92%, 3,62% e 4,57%, respectivamente (Figura 8).

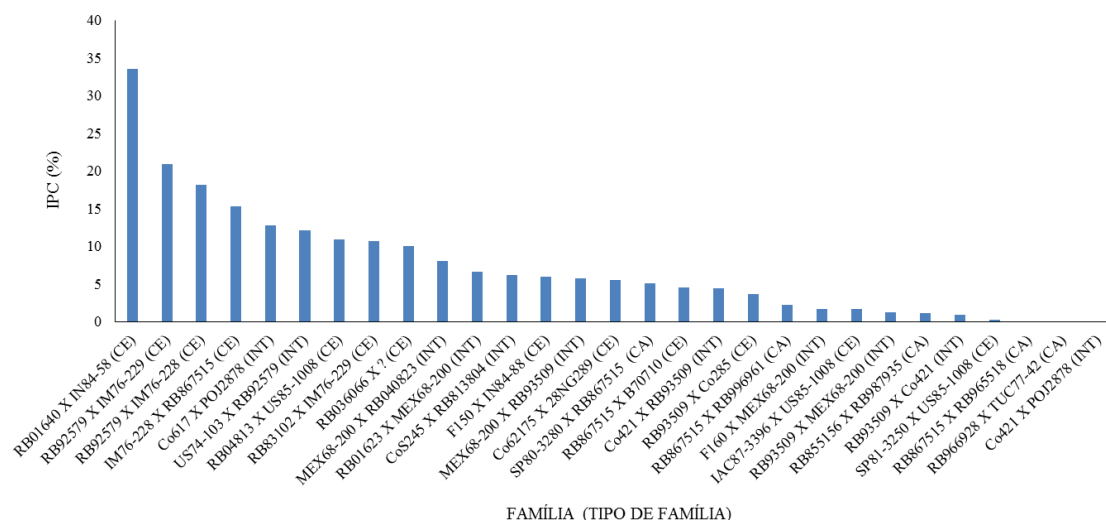


Figura 8 – Incidência de perfilhos com carvão (IPC) (*Sporisorium scitamineum*) nas famílias avaliadas na fase T1. CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia.

Tabela 3 – Quantidade de indivíduos em cada classe de incidência de perfilhos com carvão (IPC) (*Sporisorium scitamineum*), percentagem de clones com carvão (% sem doença) e clones com o carvão (% com doença) em diferentes tipos de famílias durante a segunda fase de teste (T2).

TIPO*	IPC				TOTAL	% SEM DOENÇA	% COM DOENÇA
	0%	1-5%	5-10%	>10%			
CA	7	2	0	0	9	77,8	22,2
INT	16	5	0	0	21	52,4	47,6
CE	19	18	18	5	60	31,7	68,3

*CA: família de cana-de-açúcar; INT: família intermediária; CE: família de cana energia. Total: total de clones estudados para cada tipo de família;

Os quatro clones selecionados em T1 da família IM76-228 × RB867515, mostraram-se muito promissores e apresentaram um ótimo desempenho agroindustrial, com teores de sacarose, teores de fibra e produtividades acima da média da população avaliada na fase T2.

A maioria dos cruzamentos utilizados estrategicamente com o objetivo de desenvolver genótipos de cana energia, mostraram-se suscetíveis às doenças: ferrugem marrom e carvão, em condições naturais de campo. Os resultados desse trabalho discordam de muitos pesquisadores que afirmam que a introgressão de genes de *S. spontaneum* e *S. robustum*, são fontes de resistência às principais doenças que afetam a cana-de-açúcar (Alexander, 1985; Giamalva et al., 1985; Ming et al., 2006; Eggleston et al., 2007; Wang et al., 2008; Tew e Cobill, 2008; León et al., 2010; Matsuoka et al., 2014).

Em 2007, foi lançada nos Estados Unidos a L79-1002 (Bischoff et al., 2008), uma variedade de cana energia com alta produtividade de biomassa, que tem como parental feminino a CP52-68 e masculino a Tainan, um clone de *S. spontaneum*, com grandes áreas em Louisiana e Flórida, mas que desde então vem apresentado suscetibilidade ao carvão (León et al., 2010).

A resistência genética constitui o método de controle ideal no manejo de doenças, portanto, os estudos para avaliar as novas famílias e os clones de cana energia a reação às doenças devem ser mais explorados dentro dos programas de melhoramento genético.

A maior resistência para as doenças nos cruzamentos de cana-de-açúcar se deve ao conhecimento e domínio do melhoramento genético para o desenvolvimento de variedades, principalmente em relação a reação dos genitores às doenças.

O desenvolvimento de cana energia no Brasil tem ocorrido no Nordeste, região onde os problemas com ferrugem e carvão são menores, embora recentemente tem ocorrido relatos pontuais de ocorrência dessas doenças.

Para o desenvolvimento de variedades de cana energia, necessita-se de maiores estudos sobre os genitores que podem contribuir para o aumento de fibra, principalmente os acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum*, visando entender melhor a capacidade de combinação geral e específica para os caracteres de produção de biomassa e também de suscetibilidade às doenças.

Segundo Matsuoka et al. (2014) e Carvalho-Netto et al. (2014), a seleção recorrente é um método eficiente para o aumento do teor de fibra via populações de *S. spontaneum* e *S. robustum*, pois o uso de genitores com elevados teores de fibra podem gerar clones com teores de fibra superior as variedades comerciais atualmente em cultivo. Essa é uma estratégia que também pode contribuir para a busca por fontes de resistência às doenças e que deve ser implantado nos programas de melhoramento genético que visam o desenvolvimento de clones e variedades de cana energia.

4. CONCLUSÃO

Foi observado em condições de campo a ocorrência de ferrugem marrom e carvão na primeira e segunda fase de teste, com maior intensidade em famílias e clones de cana energia. As famílias e clones de cana-de-açúcar apresentaram de forma geral maior resistência as duas doenças.

REFERÊNCIAS

- ALEXANDER, A. G. The Energy Cane Alternative. **Elsevier**, v.6, 1985. 509p.
- AMORIM, L.; BERGAMIN, FILHO, A.; CARDOSO, C.; MORAES, V.A.; FERNANDES, C.R. Metodologia de avaliação da ferrugem da cana-de-açúcar (*Puccinia melanocephala*). **Boletim Técnico Copersucar**, v.39, p.13-16, 1987.
- CAMOCHENA, R. C.; SANTOS, I.; MANTELI, C.; MALAGI, G.; MAZARO, S. M.; DALLEMOLE-GIARETTA, R. Reação de genótipos de milho à mancha ocular causada por *Kabatiella zea*. **Semina: Ciências Agrárias**, v.33, p.1315-1322, 2012.
- BALSALOBRE, T. W. A.; MANCINI, M. C.; PEREIRA, G. S.; ANONI, C. O.; BARRETO, F. Z.; HOFFMANN, H. P.; SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F.; CARNEIRO, M. S. Mixed Modeling of Yield Components and Brown Rust Resistance in Sugarcane Families. **Agronomy Journal**, v.108, p.1824-1837, 2016
- 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.; 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.
- BERGAMIN FILHO, A.; AMORIM, L.; CARDOSO, C. O. N.; SANGUINO, A.; IRVINE, J. E.; SILVA, W. M. Carvão da cana-de-açúcar e sua epidemiologia. **Boletim Técnico Copersucar**, p.1-23. 1987.
- BISCHOFF, K. P.; GRAVOIS, K. A.; REAGAN, T. E., HOYC, J. W.; KIMBENG, C. A.; LABORDEA, C. M.; HAWKINS, G. L. Registration of “L79-1002” sugarcane. **Journal of Plant Registrations**, v.2, p.211-217, 2008.
- BRASILEIRO, B. P.; MENDES, T. O. P.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Simulated Individual Best Linear Unbiased Prediction versus Mass Selection in Sugarcane Families. **Crop Science**, v.56, p.570-575, 2016.

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.1-20, 2014.

CASAGRANDE, M. V. **Avaliação da incidência da doença e estimativa de danos ocasionados pelo carvão (*Ustilago scitaminea* Sydow) em variedades de cana-de-açúcar**. 1998. 86 p. Tese (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

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.

EGGLESTON, G.; SALASSI, M.; RICHARD, E.; BIRKETT, H. Sustainability of the sugar industry: future value addition from sugarcane. **International Sugar Journal**, v.109, p. 415–432, 2007.

GIAMALVA, M.; CLARK, S.; STEIN, J. Conventional vs high fiber sugarcane. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v.4, p.106–109, 1985.

HOANG, N. V; FURTADO, A.; BOTHA, F. C.; SIMMONS, B. A.; HENRY, R. J. Potential for Genetic Improvement of Sugarcane as a Source of Biomass for Biofuels. **Frontiers in Bioengineering and Biotechnology**, v. 3, p.1-15, 2015.

HOGARTH, D. M.; RYAN, C. C.; TAYLOR, P. W. J. Quantitative inheritance of rust resistance in sugarcane. **Field Crops Research**, v.34, p.187-193, 1993.

IDO, O.T.; NETO LIMA, V.C.; DAROS, E.; POSSAMAI, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; WEBER, H.; OLIVEIRA, R.A. Incidência e severidade da ferrugem em clones de cana-de-açúcar no estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.36, n.3, p.159-163, 2006.

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.

LEÓN, R. G.; GILBERT, R. A.; KORNDORFER, P. H.; COMSTOCK, J. C. Selection criteria and performance of energycane clones (*Saccharum* spp. x *S. spontaneum*) for biomass production under tropical and sub-tropical conditions. **Ceiba**, v.51, p.11-16, 2010

MATSUOKA, S. Análise retrospectiva de perdas causadas pela ferrugem da cana-de-açúcar em São Paulo. In: 5º Congresso Nacional da STAB, Águas de São Pedro. **Anais...** Piracicaba: STAB, 1993. p.148-156.

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 cap.2, p.15-118, 2006.

OKITA, P. M., VASCONCELOS, C. V.; COSTA, I. P.; PEIXOTO, N.; CARVALHO, D. D. C. Reação de clones de batata a *Alternaria solani* em condições de campo. **Científica**, v.42, p.147-152, 2014

OLIVEIRA, E. J.; SOARES, T. L.; BARBOSA, C. J.; SANTOS-FILHO, H. P.; JESUS, O. N. Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.35, p.485-492, 2013.

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

RAGO, A.M.; CASAGRANDE, M.V.; MASSOLA JR., N.S. Variabilidade patogênica de *Ustilago scitaminea* no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, v.35, n.2, p.93-97, 2009.

RAMDOYAL, K.; SULLIVAN, S.; LIM-SHIM-CHONG, L.C.Y.; BADALOO, G.H.; SAUMTALLY, S. DOMAINGUE, R. The genetics of rust resistance in sugar cane seedling populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v.100, p.557-563, 2000.

RAMOS, R. S.; BRASILEIRO, B. P.; SILVEIRA, L. C. I.; KIST, V.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection of parents, families and clones to obtain energy cane. **Agronomy Journal**, v.109, p.1-7, 2017.

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.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A. Genetic diversity and coefficient of kinship among potential genitors for obtaining cultivars of energy cane. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, p. 358-368, 2015a.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H., DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection strategy in families of energy cane based on biomass production and quality traits. **Euphytica**, v.204, p.443-455, 2015b.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H., DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection in energy cane families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.298-306, 2016.

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

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

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.

TOKESHI, H.; RAGO, A. Doenças da cana-de-açúcar. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A; CAMARGO, L.E.A. (Eds.) Manual de Fitopatologia. v. 2. **Doenças das plantas cultivadas**. 4ª. ed. São Paulo SP. Agronômica Ceres. p.185-196, 2005.

VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRI, F. S.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J. M.; SANTOS, G. R.; CARVALHO, E. V. Reação de híbridos de milho à *Curvularia* ssp, sob dois níveis de adubação com nitrogênio, no Sul do Tocantins. **Scientia Agraria**, v.11, p.149-154, 2010.

VICHI, F. M.; MANSOR, M. T. C. Energia, meio ambiente e economia: o Brasil no contexto mundial. **Química Nova**, v.32, p.757-767, 2009.

WANG, L.; JACKSON, P. A.; LU, X., FAN, Y. H.; FOREMAN, J. W.; CHEN, X. K.; DENG, H. H.; FU, C.; MA, L.; AITKEN, K. S. Evaluation of sugarcane x *Saccharum spontaneum* progeny for biomass composition and yield components. **Crop Science**, v.48, p.951-96, 2008.

ZENI NETO, H.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; SCAPIM, C. A.; VIDIGAL, M. C. G.; VIDIGAL, FILHO P. S. 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.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As atuais variedades de cana-de-açúcar apresentam uma base genética muito estreita, o que para muitos pesquisadores pode representar sérios riscos de vulnerabilidade genética. Tal situação é decorrente do reduzido número e da alta similaridade entre parentais empregados no desenvolvimento das variedades ao longo de décadas, levando ao estabelecimento de patamares limitados de produtividade.

Muitos fatores impactaram fortemente a produção nos últimos anos, como o surgimento de novas doenças; a evolução de pragas, que eram consideradas secundárias e passaram a causar sérios danos; a inevitável expansão da cultura para áreas marginais, onde as condições ambientais são muito estressantes para a planta; e, principalmente, a mecanização, que ocorreu de forma rápida no Brasil, compactando o solo e arrancando as soqueiras, comprometendo a brotação e reduzindo sua longevidade. Além disso, o surgimento de novas pragas e doenças, ou ainda novas raças, são grandes ameaças às variedades de cana-de-açúcar para os próximos anos.

Existe um potencial genético presente no gênero *Saccharum* para exploração da variabilidade genética e o presente trabalho demonstrou a possibilidade de obter rapidamente genótipos com maiores teores de fibra e sacarose nos cruzamentos envolvendo variedades de cana-de-açúcar e acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum*. Esse tipo de genótipo, combinando em um mesmo genoma teores de fibra mais elevados e mantendo os mesmos teores de sacarose das variedades atuais, pode atender a demanda atual do setor, que necessita da produção de uma biomassa com teores de fibra de 16 a 17%. Porém, na busca por variedades que atendam as demandas para a produção do etanol de segunda geração, torna-se necessário o aumento no teor de fibra, tendo em vista que, para essa finalidade, os genótipos deverão apresentar alta produção de biomassa e teores de fibra elevados, próximos de 30%.

Os novos cruzamentos envolvendo as espécies *S. spontaneum* e *S. robustum* também podem contribuir para a introgressão de alelos responsáveis por proporcionar uma maior longevidade dos canaviais, além de alelos para maior capacidade de perfilhamento, características importantes devido ao rápido crescimento da mecanização na cultura.

Cabe ressaltar que embora os clones selecionados nesse trabalho apresentem características industriais interessantes para a produção de cana energia, ainda existe a necessidade de testá-los em diferentes épocas de colheita, outras condições edafoclimáticas, longevidade de soqueiras com alta capacidade de produção de biomassa.

A continuidade desse trabalho é necessária, com novas avaliações e seleções, visando selecionar futuros acessos para o programa de melhoramento genético de cana energia e a obtenção de variedades que possam atender as demandas atuais e futuras do setor sucroenergético.

Portanto, a introdução de novos acessos e a utilização da estratégia de seleção recorrente dentro das populações de *S. spontaneum* e *S. robustum* se faz necessário nesse momento visando ampliar a base genética nos bancos de germoplasma (BAG) da RIDESA e dessa forma, vir a explorar a variabilidade a ser gerada a partir desses, para aumentar o teor de fibra e a resistência as principais doenças da cultura nas novas populações. Essas estratégias devem ser adotadas, pois, enquanto que o melhoramento convencional vem gerando novas combinações, testando e selecionando os novos clones a campo sob a pressão de seleção causada por novas raças de patógenos que tem surgido, os acessos de *S. spontaneum* e *S. robustum* presentes no BAG da RIDESA não têm sido submetidos a mesma pressão de seleção.

REFERÊNCIAS GERAL

- ALEXANDER, A. G. **The Energy Cane Alternative**. Elsevier, Amsterdam, 1985.
- AMORIM, L.; BERGAMIN, FILHO, A.; CARDOSO, C.; MORAES, V.A.; FERNANDES, C.R. Metodologia de avaliação da ferrugem da cana-de-açúcar (*Puccinia melanocephala*). **Boletim Técnico Copersucar**, v.39, p.13-16, 1987.
- BALSALOBRE, T. W. A.; MANCINI, M. C.; PEREIRA, G. S.; ANONI, C. O.; BARRETO, F. Z.; HOFFMANN, H. P.; SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F.; CARNEIRO, M. S. Mixed Modeling of Yield Components and Brown Rust Resistance in Sugarcane Families. **Agronomy Journal**, v.108, p.1824-1837, 2016.
- BARBOSA, G. V. S. **Contribuição do melhoramento genético da cana-de-açúcar para a agroindústria canavieira de Alagoas**. 2014. 113p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- 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.; 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.
- BERED, F.; BARBOSA-NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Genetic variability in common wheat germplasm based on coefficients of parentage. **Genetics and Molecular Biology**, v.25, n.2, p.211-215, 2002.
- BERGAMIN FILHO, A.; AMORIM, L.; CARDOSO, C. O. N.; SANGUINO, A.; IRVINE, J. E.; SILVA, W. M. Carvão da cana-de-açúcar e sua epidemiologia. **Boletim Técnico Copersucar**, p.1-23. 1987.
- BISCHOFF, K. P.; GRAVOIS, K. A.; REAGAN, T. E., HOYC, J. W.; KIMBENG, C. A.; LABORDEA, C. M.; HAWKINS, G. L. Registration of “L79-1002” sugarcane. **Journal of Plant Registrations**, v.2, p.211-217, 2008.
- BRASILEIRO, B. P.; MARINHO, C. D.; COSTA, P. M. A.; MOREIRA, E. F. A.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. (2014) 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, 2014a.
- BRASILEIRO, B. P.; MARINHO, C. D.; COSTA, P. M. A.; CURSI, D. E.; PETERNELLI, L. A.; RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Genetic diversity and coefficient of parentage between clones and sugarcane varieties in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.9005-9018, 2014b.
- BRASILEIRO, B. P.; MENDES, T. O. P.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Simulated Individual Best Linear Unbiased

- Prediction versus Mass Selection in Sugarcane Families. **Crop Science**, v.56, p.570-575, 2016.
- CAMOCHENA, R. C.; SANTOS, I.; MANTELI, C.; MALAGI, G.; MAZARO, S. M.; DALLEMOLE-GIARETTA, R. Reação de genótipos de milho à mancha ocular causada por *Kabatiella zea*. **Semina: Ciências Agrárias**, v.33, p.1315-1322, 2012.
- 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.1-20, 2014.
- CASAGRANDE, M. V. **Avaliação da incidência da doença e estimativa de danos ocasionados pelo carvão (*Ustilago scitaminea* Sydow) em variedades de cana-de-açúcar**. 1998. 86 p. Tese (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- CESAR, L. E. V.; BRUZI, A. T.; NUNES, J. A. R.; ANDRADE, L. A. B.; LOPES, M. F.; SALES, L. R.; MOURÃO, M. M. Genetic divergence of sugarcane varieties collected in the region of Lavras, Minas Gerais, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.14, p.14043-14049, 2015.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. Safra 2016/17 - Terceiro levantamento. Conab: v.3, 2016. 74p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 586p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, v.2, 2014. 688p.
- CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- 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.
- DUTRA FILHO, J. A.; BASTOS, G. Q.; RESENDE, L. V.; MELO, L. J. O. T. Avaliação agroindustrial e dissimilaridade genética em progênies e variedades RB de cana-de-açúcar. **Agropecuária Técnica**, João Pessoa, v. 32, p. 55-61, 2011.
- 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.
- DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; BARBOSA, G. V. S. **45 Anos de Variedades RB de Cana-de-açúcar: 25 anos de RIDESA**. 1.ed. Curitiba: Editora Graciosa, 2015. 156p.

EGGLESTON, G.; SALASSI, M.; RICHARD, E.; BIRKETT, H. Sustainability of the sugar industry: future value addition from sugarcane. **International Sugar Journal**, v.109, p. 415-432, 2007.

GIAMALVA, M.; CLARK, S.; STEIN, J. Conventional vs high fiber sugarcane. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v.4, p.106–109, 1985.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Ed. da USP, 1990. 467p.

HOANG, N. V.; FURTADO, A.; BOTHA, F. C.; SIMMONS, B. A.; HENRY, R. J. Potential for Genetic Improvement of Sugarcane as a Source of Biomass for Biofuels. **Frontiers in Bioengineering and Biotechnology**, v. 3, p.1-15, 2015.

HOGARTH, D. M.; RYAN, C. C.; TAYLOR, P. W. J. Quantitative inheritance of rust resistance in sugarcane. **Field Crops Research**, v.34, p.187-193, 1993.

IDO, O.T.; NETO LIMA, V.C.; DAROS, E.; POSSAMAI, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; WEBER, H.; OLIVEIRA, R.A. Incidência e severidade da ferrugem em clones de cana-de-açúcar no estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.36, n.3, p.159-163, 2006.

JACKSON, P. A.; MCRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. In: Sources of variation and optimal selection index. **Field Crops Research**, v.43, p.109-118, 1995.

KANG, M. S.; MILLER, J. D.; TAI, P. Y. P. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science**, v.23, n.4, p.643-647, 1983.

KENNEDY, A. J. Prospects for combining high sucrose content with increased fibre to generate multi-purpose cane varieties. In: **Proceedings of the Conference of West Indies Sugar Technologists**, Jamaica, 2008.

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.

LEÓN, R. G.; GILBERT, R. A.; KORNDORFER, P. H.; COMSTOCK, J. C. Selection criteria and performance of energycane clones (*Saccharum* spp. x *S. spontaneum*) for biomass production under tropical and sub-tropical conditions. **Ceiba**, v.51, p.11-16, 2010

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P. Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar usando análise multivariada associada a modelos mistos. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, p. 125-134, 2014.

MATSUOKA, S. Análise retrospectiva de perdas causadas pela ferrugem da cana-de-açúcar em São Paulo. In: 5º Congresso Nacional da STAB, Águas de São Pedro. **Anais...** Piracicaba: STAB, 1993. p.148-156.

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.

MELO, L. J. O. T.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; REIS, O. V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, v.65, p.197-205, 2006.

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.

MORAES, M. F.; BASTOS G. Q.; FILHO, C. J. A.; MELO, L. J. O. T.; REIS, O. V. Avaliação agroindustrial e parâmetros genético de progênies de cana-de-açúcar em fase inicial na zona canavieira do litoral norte de Pernambuco. **Ciência Agrotecnologia**, v.34, p.1086-1092, 2010.

OKITA, P. M., VASCONCELOS, C. V.; COSTA, I. P.; PEIXOTO, N.; CARVALHO, D. D. C. Reação de clones de batata a *Alternaria solani* em condições de campo. **Científica**, v.42, p.147-152, 2014

OLIVEIRA, E. J.; SOARES, T. L.; BARBOSA, C. J.; SANTOS-FILHO, H. P.; JESUS, O. N. Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.35, p.485-492, 2013.

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

RAGO, A.M.; CASAGRANDE, M.V.; MASSOLA JR., N.S. Variabilidade patogênica de *Ustilago scitaminea* no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, v.35, n.2, p.93-97, 2009.

RAMOS, R. S.; BRASILEIRO, B. P; SILVEIRA, L. C. I.; KIST, V.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection of parents, families and clones to obtain energy cane. **Agronomy Journal**, v.109, p.1-7, 2017.

RAMDOYAL, K.; BADALOO, G. H. An evaluation of interspecific families of different nobilised groups in contrasting environments for breeding novel sugarcane clones for biomass. In: **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists Conference**, v.26, p.632-645, 2007.

RAO, P. S.; DAVIS, H.; SIMPSON, C. New sugarcane cultivars and year round sugar and ethanol production with bagasse-based cogeneration in Barbados and Guiana. In:

Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists Conference, v.26, p.1169–1176, 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.

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

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

RESENDE, M. D. V. Software Slegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.330-339, 2016.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre variedades locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.1275-1284, 2002.

SANTCHURN, D.; RAMDOYAL, K.; BADALOO, M.G.H.; LABUSCHAGNE, M. From sugar industry to cane industry: evaluation and simultaneous selection of different types of high biomass canes. **Biomass and Bioenergy**, v.61, p.82-92, 2014.

SANTCHURN, D.; RAMDOYAL, K.; BADALOO, M.G.H.; LABUSCHAGNE, M. From sugar industry to cane industry: investigations on multivariate data analysis techniques in the identification of different high biomass sugarcane varieties. **Euphytica**, v.185, p.543-558, 2012.

SHIMOYA, A.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, R. P.; PEREIRA, A. V.; CARNEIRO, P. C. S. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.971-980, 2002.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L. J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, p.52-58, 2011.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A. Genetic diversity and coefficient of kinship among potential genitors for obtaining cultivars of energy cane. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 46, p. 358-368, 2015a.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection strategy in families of energy cane based on biomass production and quality traits. **Euphytica**, v.204, p.443-455, 2015b.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Selection in energy cane families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.298-306, 2016.

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

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

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.

TOKESHI, H.; RAGO, A. Doenças da cana-de-açúcar. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A; CAMARGO, L.E.A. (Eds.) Manual de Fitopatologia. v. 2. **Doenças das plantas cultivadas**. 4ª. ed. São Paulo SP. Agronômica Ceres. p.185-196, 2005.

UNICA – União da Indústria da Cana-de-açúcar. **Boletim: A bioeletricidade da cana em números** – (2017) (<http://www.unica.com.br/documentos/documentos/>). Acesso em fevereiro de 2017.

VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRI, F. S.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J. M.; SANTOS, G. R.; CARVALHO, E. V. Reação de híbridos de milho à *Curvularia* ssp, sob dois níveis de adubação com nitrogênio, no Sul do Tocantins. **Scientia Agraria**, v.11, p.149-154, 2010.

VICHI, F. M.; MANSOR, M. T. C. Energia, meio ambiente e economia: o Brasil no contexto mundial. **Química Nova**, v.32, p.757-767, 2009.

ZENI NETO, H.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; SCAPIM, C. A.; VIDIGAL, M. C. G.; VIDIGAL, FILHO P. S. 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.

WANG, L.; JACKSON, P. A.; LU, X., FAN, Y. H.; FOREMAN, J. W.; CHEN, X. K.; DENG, H. H.; FU, C.; MA, L.; AITKEN, K. S. Evaluation of sugarcane x *Saccharum spontaneum* progeny for biomass composition and yield components. **Crop Science**, v.48, p.951-96, 2008.