

PEDRO HENRIQUE SILVA FERREIRA

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS EM FASE INICIAL DO MELHORAMENTO DA CANA-
DE-AÇÚCAR VIA O MÉTODO CONVENCIONAL E O SISTEMA SIMPLIFICADO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

F383s
2020
Ferreira, Pedro Henrique Silva, 1991-
Seleção de genótipos em fase inicial do melhoramento da
cana-de-açúcar via o método convencional e o sistema
simplificado / Pedro Henrique Silva Ferreira. – Viçosa, MG,
2020.

39 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.37-39.

1. Cana-de-açúcar. 2. Seleção de plantas - Melhoramento
genético. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de
Estatística. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.612

PEDRO HENRIQUE SILVA FERREIRA

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS EM FASE INICIAL DO MELHORAMENTO DA CANA-
DE-AÇÚCAR VIA O MÉTODO CONVENCIONAL E O SISTEMA SIMPLIFICADO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 18 de fevereiro de 2020.

Assentimento:



Pedro Henrique Silva Ferreira
Autor



Luiz Alexandre Peternelli
Orientador

Aos meus pais, João e Clélia, e à minha avó Olinda,
que não medem esforços para realização dos meus sonhos,
sempre transmitindo amor, confiança e apoio
em todos os momentos da minha vida.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sempre guiar meus passos e iluminar meus caminhos.

Aos meus pais, João Batista Ferreira e Clélia Rosa da Silva Ferreira, pelo amor, ensinamentos, incentivos, orações e por sempre terem acreditado em mim.

À minha avó Olinda Rosa da Silva, à minha irmã Angélica Paiva Silva Ferreira e ao meu avô Francisco Paula Ferreira, pelo amor, carinho, orações e conselhos.

À minha namorada, Rebeca Lourenço de Oliveira, pelo amor, carinho, companheirismo e ajuda durante todo este período.

A todos os meus familiares, pelo amparo e orações.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela excelência em todos os âmbitos, e pela oportunidade de realização deste curso.

Ao orientador, Luiz Alexandre Peternelli, pelos ensinamentos, orientação, confiança e motivação.

Ao coorientador Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela oportunidade de trabalhar no Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da UFV (PMGCA/UFV), e por todo os ensinamentos, conselhos e pela confiança.

Aos professores Felipe Lopes da Silva e Édimo Fernando Alves Moreira, pela disponibilidade em participar da banca e pelas contribuições.

A todos os funcionários do Centro de Pesquisa e Melhoramento de Cana-de-Açúcar (CECA) que foram fundamentais na execução das atividades de campo.

A todos os colegas do PMGCA/UFV e do Laboratório de Análises e Pesquisas em Estatística Aplicada (LAPEA), pela ajuda, sugestões e conversas, em especial ao Mateus Teles, Tiago Marques, Gabriely, Danival, Caio, Gabriel, Matheus, Mateus Granato e Cristina.

E a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a execução deste trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

RESUMO

FERREIRA, Pedro Henrique Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2020. **Seleção de genótipos em fase inicial do melhoramento da cana-de-açúcar via o método convencional e o sistema simplificado.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.

O Sistema Simplificado ou Tapetinho é uma nova metodologia de seleção de genótipos em fase inicial do melhoramento da cana-de-açúcar. Esta metodologia possibilita aumentar o número de genótipos e de famílias avaliadas, reduzir o tempo de obtenção de uma nova variedade, diminuir a área experimental e maximizar o uso dos recursos. Entretanto, a sua eficiência de seleção quando comparado ao método convencional de melhoramento é pouco relatado na literatura. O propósito do trabalho foi avaliar e comparar as duas metodologias de seleção de genótipos (Método Convencional e Sistema Simplificado) em fase inicial do melhoramento da cana-de-açúcar. Dois experimentos foram conduzidos, e em cada experimento foram avaliadas 60 famílias de irmãos completos. No experimento I (Método Convencional), após a germinação, as plântulas obtidas são individualizadas em tubetes (repicagem) e posteriormente transplantadas individualmente para o campo. Neste experimento foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições e 20 plantas por parcela. O experimento II (Sistema Simplificado) foi dividido em duas etapas. Na primeira etapa, após a germinação, as plântulas foram transplantadas para o campo de forma adensada, ou seja, não ocorreu a individualização para tubetes como no método convencional. Em seguida, em avançado estágio de desenvolvimento, oito plantas de melhor vigor, em cada família, foram selecionadas e cortadas. A segunda etapa consistiu no plantio definitivo a campo das plantas selecionadas na etapa anterior. Neste experimento foi utilizado o delineamento de blocos casualizados, com oito repetições e uma planta por parcela. Foram avaliadas em ambos experimentos as principais variáveis utilizadas no melhoramento da cana-de-açúcar. Os parâmetros genéticos em cada metodologia foram estimados. Além disso, foram calculados o coeficiente de coincidência entre os métodos e os ganhos com a seleção dos melhores indivíduos e famílias em cada método. Ambos métodos apresentaram alta precisão na avaliação genotípica, com elevados valores de herdabilidade e acurácia seletiva. Os métodos apresentaram boa coincidência na identificação de famílias superiores e inferiores. As metodologias de seleção possibilitaram a seleção de famílias e indivíduos superiores para serem utilizados nas etapas seguintes do programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Saccharum* spp. Método tapetinho. Otimização de seleção.

ABSTRACT

FERREIRA, Pedro Henrique Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2020. **Selection of genotypes in the initial phase of sugarcane breeding by the conventional method and the simplified system.** Advisor: Luiz Alexandre Peternelli.

The Simplified System or “Tapetinho” is a new methodology for selecting genotypes in the initial phase of sugarcane breeding. This methodology makes it possible to increase the number of genotypes and families evaluated, reduce the time to obtain a new variety, decrease the experimental area, and maximize the use of resources. However, selection efficiency, when compared to the conventional breeding method, is little reported in the literature. The objective of the work was to evaluate and compare the two genotype selection methodologies (Conventional Method and Simplified System) in the initial phase of sugarcane breeding. Two experiments were conducted, and in each experiment, 60 full-sib families were evaluated. In experiment I (Conventional Method), after germination, the seedlings obtained are individualized in tubes (subculture) and later transplanted individually to the field. In this experiment, a randomized block design was used, with four replications and 20 plants per plot. Experiment II (Simplified System) was divided into two stages. In the first stage, after germination, the seedlings were transplanted into the field in a dense form, that is, there was no individualization for tubes as in the conventional method. Then, in an advanced stage of development, eight plants of better vigor, in each family, were selected and cut. The second stage consisted of definitive field planting of the plants selected in the previous stage. In this experiment, a randomized block design was used, with eight replications and one plant per plot. In both experiments, the main variables used in the sugarcane breeding were evaluated. The genetic parameters in each methodology were estimated. Additionally, we calculated the coefficient of coincidence between the methods and the selection gains of the best individuals and families in each method. Both methods showed high precision in the genotypic evaluation, with high values of heritability and selective accuracy. The methods showed good coincidence in the identification of upper and lower families. The selection methodologies made it possible to select families and superior individuals to be used in the next stages of the breeding program.

Keywords: *Saccharum* spp. “Tapetinho” method. Selection optimization.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	8
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	10
2.1 Material genético	10
2.2 Experimento I – Método convencional.....	11
2.3 Experimento II – Sistema simplificado	12
2.3.1 Etapa A - Tapetinho	12
2.3.2 Etapa B - T1 colmo	13
2.4 Coleta de dados em ambos experimentos	13
2.5 Análises estatísticas	14
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
3.1 Parâmetros genéticos	17
3.2 Coeficiente de coincidência	20
3.3 Ganho genético	24
4 CONCLUSÕES.....	36
5 REFERÊNCIAS	37

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma planta alógama, semi-perene, de propagação vegetativa, pertencente à família Poaceae e ao gênero *Saccharum* (HENRY, 2010; CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011). A cultura possui grande importância econômica no mundo em virtude do elevado valor comercial de seus produtos e subprodutos, principalmente o açúcar e o etanol (BNDES, 2008; MATSUOKA et al., 2009; CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011).

O Brasil é o maior produtor mundial da cultura. Na safra 2019/2020, a estimativa de área cultivada com cana-de-açúcar é de 8,48 milhões de hectares, com produção de 642,7 milhões de toneladas e produtividade média de 75,8 toneladas por hectare. A produção de etanol é estimada em 33,8 bilhões de litros, enquanto que para o açúcar estima-se 30,14 milhões de toneladas. Estes resultados colocam o país entre os maiores produtores e exportadores desses dois produtos em todo o mundo (CONAB, 2019).

A notoriedade mundial do setor sucroenergético brasileiro é consequência da adoção de diversas tecnologias no sistema produtivo que contribuem para o acréscimo da produtividade nos canaviais (DUTRA FILHO et al., 2012). Neste contexto, os programas de melhoramento genético se destacam, pois são os responsáveis pelo desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar mais produtivas e com características agrônomicas de interesse (BARBOSA & SILVEIRA, 2012; DUTRA FILHO et al., 2012; MORAIS et al., 2015).

Em tese, o melhoramento genético de cana-de-açúcar baseia-se na exploração da variabilidade genética. Esta variabilidade é alcançada por meio de cruzamentos entre genótipos complementares e que apresentem características de interesse com valores adequados. Posteriormente, ocorre a seleção e clonagem de genótipos superiores dentro de uma população altamente segregante (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005; LANDELL & BRESSIANI, 2008). O processo de desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar é longo e são necessárias diversas atividades laboriosas. Geralmente o lançamento de novas variedades tem ocorrido após dez anos de inúmeras avaliações (BARBOSA & SILVEIRA, 2012; DAL-BIANCO et al., 2012).

Em um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar a fase inicial é de extrema importância. Nesta etapa os programas trabalham com um grande número de genótipos buscando aumentar a probabilidade de se obter indivíduos superiores (OLIVEIRA et al., 2011). Além disso, após a fase inicial novos genótipos não são mais introduzidos no ciclo de seleção. Portanto, a seleção realizada nesta etapa é decisiva para o sucesso do programa de melhoramento (BRASILEIRO et al., 2016).

A primeira fase de seleção do melhoramento é denominada T1. No método convencional de melhoramento, as plântulas obtidas de cada cruzamento são individualizadas em tubetes e transplantadas individualmente em espaçamento de 0,50 m entre si, em sulcos distanciados em 1,40 m entre si (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005). Em média, uma variedade comercial é obtida a cada 250 mil plântulas avaliadas nesta fase de seleção do programa de melhoramento (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011). Todavia, é impraticável a avaliação de um elevado número de genótipos nas fases iniciais do melhoramento, pois podem ocorrer limitações financeiras e físicas, como mão-de-obra e área experimental (PETERNELLI et al., 2009).

Com o intuito de aumentar a quantidade de genótipos e de famílias avaliadas na fase inicial do melhoramento, diminuir o tempo de desenvolvimento de uma nova variedade, reduzir a área experimental e, conseqüentemente, maximizar a utilização dos recursos, uma nova metodologia de seleção de genótipos foi criada pela Universidade Federal do Paraná (UFPR), denominada Sistema Simplificado de Seleção ou Tapetinho (MELO, 2014). Mais detalhes sobre a metodologia podem ser obtidos em Daros et al. (2016).

O Sistema Simplificado é um método de seleção de genótipos na primeira fase de experimentação do programa de melhoramento de cana-de-açúcar. O método consiste em não realizar a individualização das plântulas para tubetes como ocorre no método convencional. Ao contrário, realiza-se o plantio a campo de forma adensada, ou seja, todas as plântulas são transplantadas diretamente da caixa de sementeira para o campo. A seleção é realizada poucos meses após o plantio a campo, selecionando os indivíduos de melhor vigor. Deste modo, o Sistema Simplificado possibilita uma economia de tempo na multiplicação dos clones e permite a condução de uma menor população, formada por bons indivíduos, nas fases seguintes do programa (DAROS; ZAMBON; OLIVEIRA, 2016).

Esta nova metodologia de seleção de genótipos tem sido adotada em alguns programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil. Entretanto, há poucos relatos na literatura sobre a sua eficiência de seleção quando comparado ao método convencional. Desta forma, a realização de estudos comparativos se torna necessário, sobretudo para melhor divulgação do método alternativo, em substituição ao método convencional, se for o caso.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar e comparar duas metodologias de seleção de genótipos na fase inicial do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, e a influência destas na seleção de famílias e de indivíduos superiores, assim como nas respectivas estimativas de parâmetros genéticos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material genético

Para comparar os dois métodos de seleção foram avaliadas 60 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar (Tabela 1). Dois experimentos foram conduzidos no Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar (CECA) da Universidade Federal de Viçosa (UFV). O CECA está localizado no município de Oratórios, MG (latitude 20°25' S, longitude 42°48' W e 494 m de altitude).

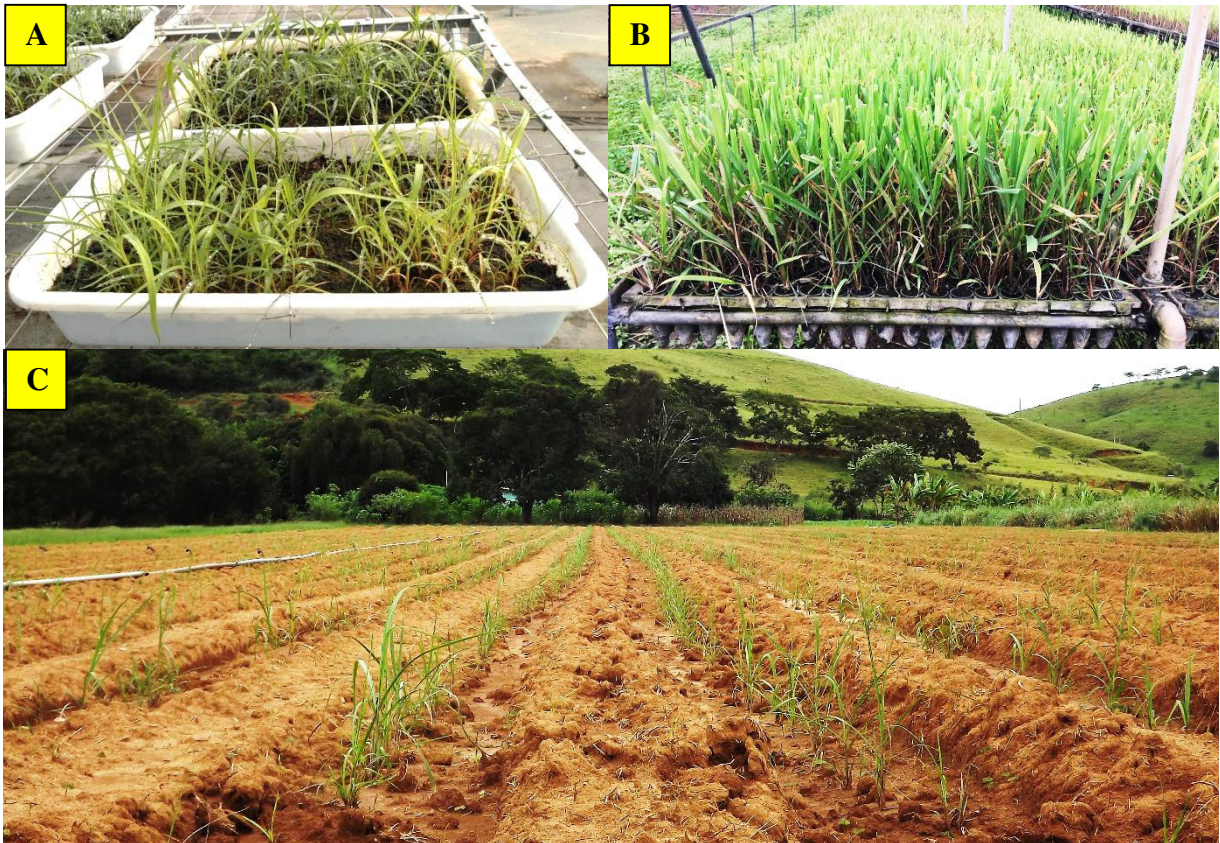
Tabela 1 – Relação das 60 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar avaliadas nos dois experimentos.

Código da Famílias	Genitores		Código da Famílias	Genitores	
	Feminino	Masculino		Feminino	Masculino
219	RB867515	RB965635	439	RB988082	RB036088
223	RB988082	RB987620	443	RB93509	RB036088
224	RB966928	RB988082	444	RB9629	RB97312
232	RB036152	CTC 20	445	RB867515	RB9629
234	RB988082	RB965635	447	RB988082	RB97312
244	RB986419	RB979088	457	RB945961	RB975201
250	RB966928	RB867515	463	RB855453	RB975201
269	RB975201	RB965902	466	RB036152	RB036142
279	CTC 4	RB867515	468	RB036145	RB975201
280	RB988082	RB027052	470	RB961003	RB036066
285	RB991532	CTC 4	472	RB961003	RB92533
289	RB987935	RB036066	473	RB975201	RB057145
293	RB988082	CTC 4	474	RB975201	RB988137
305	RB988082	RB971537	475	RB057001	RB036145
309	RB987935	CTC 4	476	RB036110	RB975201
314	RB966928	RB961003	489	CTC20	RB946303
317	RB991532	RB988082	497	RB92533	RB988082
323	RB936109	RB987935	499	CTC4	RB036088
324	RB936109	RB988082	512	RB867515	RB987649
329	RB971537	RB988082	514	RB008344	RB987649
342	RB965902	RB008361	515	RB987649	RB008344
343	RB057001	RB027052	527	RB988082	RB9629
348	RB991532	RB961003	530	RB961003	RB988082
363	RB97312	RB036088	533	RB057128	RB971537
368	RB991532	RB987935	535	RB845210	RB971527
384	RB867515	RB036088	539	RB92533	RB036088
394	RB008304	RB096000	555	RB845210	RB008296
413	RB027023	RB975201	558	RB966928	RB008309
424	RB988082	RB036066	559	RB966928	RB845210
426	RB936109	RB096066	564	RB966928	RB037040

2.2 Experimento I – Método convencional

Em julho de 2017, as sementes de cada família de cana-de-açúcar foram semeadas em bandejas de polietileno com as dimensões de, aproximadamente, 40 × 30 × 15 cm (comprimento, largura e altura, respectivamente), contendo substrato comercial MECPLANT e colocadas para germinar em casa de vegetação. Após a germinação, as plântulas foram transplantadas individualmente para tubetes (repicagem), contendo o mesmo substrato. Em seguida à repicagem, as plântulas foram mantidas sob telado com 50% de iluminação, com o objetivo de aclimação das mesmas. Em março de 2018, ocorreu o transplântio definitivo para o campo, constituindo assim a população base do primeiro experimento. Este campo corresponde à primeira fase do programa de melhoramento de cana-de-açúcar, denominado T1 convencional (Fotografia 1).

Fotografia 1 – Bandeja com as plântulas (A), repicagem das plântulas para tubetes (B) e plantio no campo (C).



Fonte: PMGCA/CECA/UFV (2018).

Nesta fase, o delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela foi constituída por dois sulcos com 5,0 m de comprimento, espaçados a 1,4 m, contendo dez plântulas equidistantes a 0,5 m em cada sulco. No total, 4.800 plântulas foram

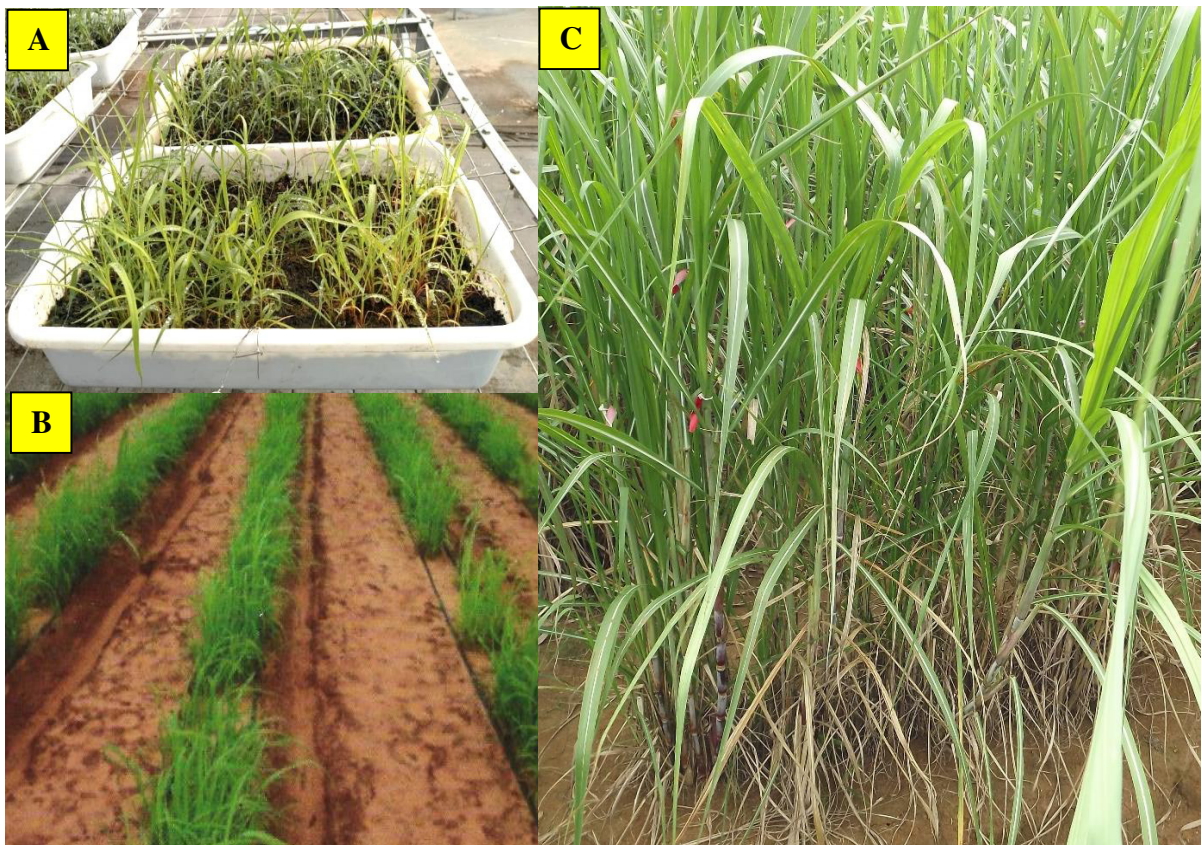
transplantadas para o campo, ou seja, cada família foi representada por 80 plantas. As adubações e tratos culturais foram realizados conforme aqueles comumente empregados no CECA.

2.3 Experimento II – Sistema simplificado

2.3.1 Etapa A - Tapetinho

Em julho de 2017, as sementes de cada família de cana-de-açúcar foram semeadas em bandejas de polietileno com as dimensões de, aproximadamente, 40 × 30 × 15 cm (comprimento, largura e altura, respectivamente), contendo substrato comercial MECPLANT, e colocadas para germinar em casa de vegetação. Em outubro do mesmo ano, após a germinação e aclimatação, os substratos contendo as plântulas foram transplantados integralmente para o campo. Cada substrato foi transplantado para um sulco de, aproximadamente, 1,5 m de comprimento, espaçados a 1,4 m. Em abril de 2018, com as plantas em avançado estágio de desenvolvimento vegetativo, foram selecionadas oito plantas de melhor vigor em cada família. Ao final, foram selecionadas no total 480 plantas (Fotografia 2).

Fotografia 2 – Bandeja com as plântulas (A), plântulas recém transplantadas para o campo (B) e plantas em avançado estágio de desenvolvimento (C).

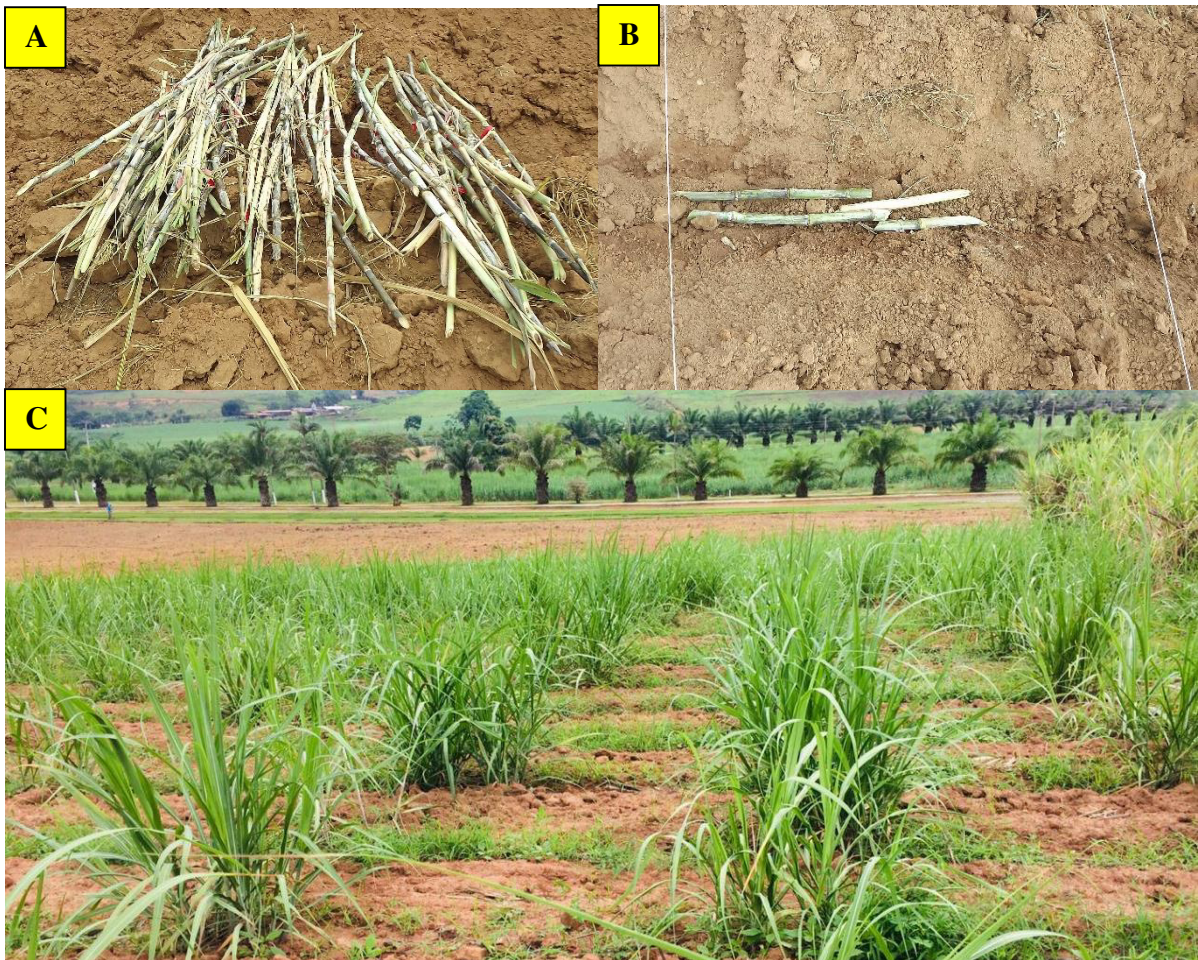


Fonte: PMGCA/CECA/UFV (2018) e PMGCA/UFPR (2016).

2.3.2 Etapa B - T1 colmo

Os indivíduos selecionados na Etapa A foram cortados na base do colmo e, em seguida, plantados no campo para originar o segundo experimento, denominado de T1 colmo (fase clonal). O delineamento utilizado neste experimento foi o de blocos casualizados com oito repetições. Em cada bloco foram adicionadas duas variedades padrão (RB867515 e RB966928). A parcela foi constituída por sulco de 1,0 m de comprimento, espaçado em 1,4 m entre sulcos, contendo um colmo em cada sulco (Fotografia 3). As adubações e tratos culturais foram realizados conforme aqueles comumente empregados no CECA.

Fotografia 3 – Indivíduos selecionado na Etapa A (A), plantio a campo dos indivíduos selecionados (B) e plantas em desenvolvimento (C).



Fonte: PMGCA/CECA/UFV (2018).

2.4 Coleta de dados em ambos experimentos

A partir do mês de abril de 2019 foram avaliados, em cana planta, as seguintes variáveis:

- i) altura média de colmo (AC): medida em metros, da base do colmo até a inserção da primeira folha, com o auxílio de trena graduada;

- ii) diâmetro médio de colmo (DC): medida em milímetros, obtido pela medição do terço médio do colmo, com auxílio de paquímetro digital;
- iii) teor de sólidos solúveis totais (BRIX): o caldo foi extraído em perfuração feita no terço médio do colmo, sendo o Brix determinado em porcentagem, com o auxílio de refratômetro digital de mão (marca ATAGO PAL-1);
- iv) número de colmos por metro (NCM): no experimento I, foi realizada a contagem dos colmos em cada touceira (0,5 m de sulco/touceira). Já no experimento II, a contagem dos colmos foi realizada em cada parcela (1,0 m de sulco). Para efeito de comparação entre os métodos, o número de colmos no experimento I foi padronizado para 1,0 m; deste modo, os valores obtidos foram multiplicados por 2.
- v) massa média dos colmos (MMC): em kg, obtido pela razão entre o peso total de colmos (kg) e o respectivo número de colmos. O peso total de colmos foi obtido após o corte manual de todos os colmos de cada touceira (experimento I) ou parcela (experimento II). Os colmos foram cortados próximo ao solo (na base do colmo), despontados e despalhados;
- vi) toneladas de colmos por hectare (TCH): obtido por meio da equação:

$$TCH = (NCM \times MMC \times 10) / TP$$

em que NCM é o número de colmos por metro, MMC é a massa média dos colmos, 10 é a constante usada para conversão da massa em toneladas por hectare e TP é o tamanho da parcela em m². No caso TP é igual a, 1,4 m² (1,4 × 1,0 m);

- vii) toneladas de Brix por hectare (TBH): obtido por meio da equação:

$$TBH = (TCH \times BRIX) / 100$$

No experimento I, a coleta de dados foi realizada a nível de touceiras. Para quantificar as variáveis AC, DC, BRIX foram avaliados três colmos por touceira, escolhidos ao acaso. No experimento II, a coleta de dados foi realizada a nível de parcela. Para quantificar as variáveis AC e DC foram avaliados dez colmos; para Brix foram três colmos, escolhidos ao acaso.

2.5 Análises estatísticas

Os dados obtidos foram tabelados e, em seguida, analisados utilizando o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). As estimativas dos componentes de variância foram obtidas via REML (máxima verossimilhança restrita), e os valores genotípicos foram preditos pelo BLUP (melhor predição linear não viesado).

O modelo estatístico utilizado no experimento I é denotado por:

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

em que: \mathbf{y} é o vetor de dados, \mathbf{r} é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, $\mathbf{g} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_g^2)$ é o vetor dos efeitos genotípicos individuais, $\mathbf{p} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_p^2)$ é o vetor dos efeitos de parcelas, e $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma^2)$ é o vetor de erros ou resíduos. \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007).

Para o experimento II, utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{e}$$

em que: \mathbf{y} é o vetor de dados, \mathbf{r} é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, $\mathbf{g} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_g^2)$ é o vetor dos efeitos genotípicos individuais, e $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma^2)$ é o vetor de erros ou resíduos. \mathbf{X} e \mathbf{Z} são as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007).

Os parâmetros genéticos avaliados no experimento I foram obtidos por meio das seguintes expressões (Resende, 2002):

Herdabilidade individual no sentido restrito

$$\hat{h}_a^2 = \frac{2\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{\text{parc}}^2 + \hat{\sigma}_{\text{dentro}}^2}$$

Herdabilidade da média de famílias

$$\hat{h}_{mf}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{\text{parc}}^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_{\text{dentro}}^2}{nb}}$$

Para o experimento II foram utilizadas as seguintes equações:

Herdabilidade individual no sentido restrito

$$\hat{h}_a^2 = \frac{2\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

Herdabilidade da média de famílias

$$\hat{h}_{mf}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b}}$$

Em ambos experimentos a acurácia seletiva de famílias foi obtida por meio da expressão:

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

em que:

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre famílias;

$\hat{\sigma}_{\text{parc}}^2$: variância ambiental entre parcelas;

$\hat{\sigma}_{\text{dentro}}^2$: variância residual dentro de parcela;

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual;

n: número de plantas por parcela;

b: número de blocos.

Posteriormente foram produzidos gráficos de dispersão dos efeitos genotípicos preditos das 60 famílias avaliadas em relação ao método convencional e o sistema simplificado para todas as variáveis estudadas. Os gráficos foram criados com o auxílio do software R (R CORE TEAM, 2019).

O coeficiente de coincidência entre os métodos de seleção foi calculado para uma intensidade de seleção de famílias de 40%, conforme sugerido por Stringer et al (2011). Utilizou-se a seguinte fórmula:

$$CC = (FC / FS) \times 100$$

em que, CC é o coeficiente de coincidência em porcentagem, FC número de famílias coincidentes entre o método convencional e o sistema simplificado quando aplicado uma taxa de seleção de 40% e FS número de famílias selecionadas considerando a seleção de 40% (24 famílias).

Adicionalmente, foram estimados os ganhos genéticos com a seleção (GS), das melhores famílias e dos melhores indivíduos, para todas as variáveis estudadas. Utilizou-se a expressão:

$$GS = \bar{X}_s - \bar{X}_o$$

onde, \bar{X}_s é a média dos valores genotípicos das famílias selecionadas e \bar{X}_o é a média original da população. O ganho genético expresso em porcentagem (GS%) foi calculado pela fórmula:

$$GS\% = (GS/\bar{X}_o) \times 100$$

em que, GS é o ganho genético e \bar{X}_o é a média original da população.

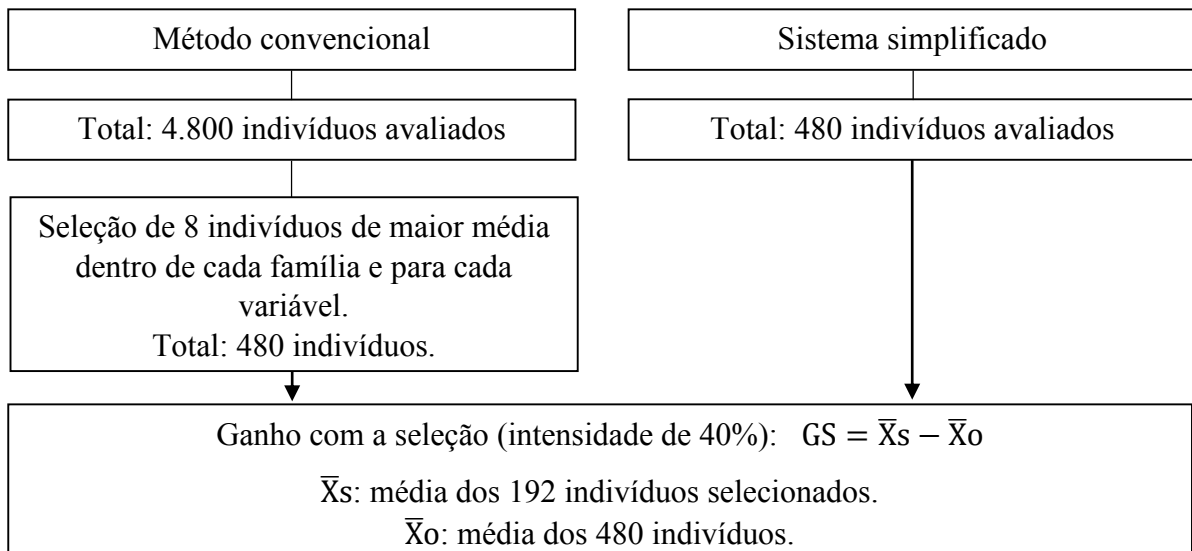
Para a seleção de famílias foi adotado uma intensidade de seleção de 40%, conforme sugerido por Stringer et al. (2011).

Também foram estimados ganhos genéticos com a seleção dos melhores indivíduos. No método convencional foram selecionadas, para cada variável, oito plantas de maior média dentro de cada família. Esse procedimento foi realizado para efeito de comparação, uma vez que no sistema simplificado foram selecionadas previamente oito plantas de melhor vigor. No total, em ambos os métodos, foram selecionados 480 indivíduos. Posteriormente foi aplicado uma intensidade de seleção de 40% nesses indivíduos (seleção de 192 indivíduos). Os ganhos

genéticos com a seleção foram estimados através da fórmula citada acima, onde \bar{X}_s corresponde à média dos 192 indivíduos selecionados e \bar{X}_o é a média dos 480 indivíduos.

O fluxograma apresentado a seguir (Figura 1) ilustra todo o processo descrito acima para obtenção dos 480 indivíduos e a estimativa dos ganhos genéticos com a seleção dos indivíduos.

Figura 1 – Esquema de obtenção dos 480 indivíduos em cada método de seleção e ganho genético com a seleção dos melhores indivíduos.



3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Parâmetros genéticos

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos de maior utilidade no melhoramento genético, pois indica a proporção da variância fenotípica que é explicada pelos componentes genéticos (RAMALHO et al., 2012). De acordo com a classificação descrita por Resende (2002), a herdabilidade pode ser considerada de baixa magnitude ($h^2 < 0,15$), média magnitude ($0,15 < h^2 < 0,50$) e alta magnitude ($h^2 > 0,50$). As variáveis com maior herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), no método convencional foram AC, DC, MMC e Brix (Tabela 2). Estes resultados indicam que a herdabilidade individual para essas variáveis são de média magnitude.

Tabela 2 – Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: AC: altura média dos colmos (m); DC: diâmetro médio dos colmos (mm); BRIX: teor de sólidos solúveis totais (%); NCM: número de colmos por metro; MMC: massa média de colmos (kg); TCH: toneladas de colmos por hectare e TBH: toneladas de Brix por hectare obtidos em 60 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar, no método convencional e sistema simplificado, respectivamente. Oratórios, MG, 2020.

Parâmetros	Método convencional						
	AC	DC	BRIX	NCM	MMC	TCH	TBH
$\hat{\sigma}_g^2$	0,03	1,90	0,37	2,98	0,02	364,33	15,55
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	0,01	0,29	0,20	1,42	0,00	42,24	2,86
$\hat{\sigma}_{dentro}^2$	0,16	12,55	3,54	61,03	0,14	5991,14	255,12
$\hat{\sigma}_f^2$	0,21	14,74	4,12	65,43	0,16	6397,72	273,53
\hat{h}_a^2	0,31	0,26	0,18	0,09	0,22	0,11	0,11
	+ - 0,04	+ - 0,04	+ - 0,03	+ - 0,02	+ - 0,03	+ - 0,02	+ - 0,02
\hat{h}_{mf}^2	0,87	0,89	0,80	0,73	0,87	0,81	0,80
Ac_{fam}	0,93	0,94	0,89	0,85	0,93	0,90	0,89
Média geral	2,16	24,26	20,06	14,08	1,18	119,18	24,06
Parâmetros	Sistema simplificado						
	AC	DC	BRIX	NCM	MMC	TCH	TBH
$\hat{\sigma}_g^2$	0,02	2,07	0,58	3,21	0,03	490,21	25,49
$\hat{\sigma}_e^2$	0,10	9,92	3,29	18,59	0,14	2372,13	114,59
$\hat{\sigma}_f^2$	0,12	11,99	3,87	21,80	0,17	2862,34	140,08
\hat{h}_a^2	0,30	0,34	0,30	0,29	0,39	0,34	0,36
	+ - 0,10	+ - 0,11	+ - 0,10	+ - 0,10	+ - 0,11	+ - 0,11	+ - 0,11
\hat{h}_{mf}^2	0,59	0,63	0,58	0,58	0,66	0,62	0,64
Ac_{fam}	0,77	0,79	0,76	0,76	0,81	0,79	0,80
Média geral	2,41	26,58	20,65	13,71	1,40	136,02	28,24

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre famílias de irmãos germanos; $\hat{\sigma}_{parc}^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{dentro}^2$: variância residual dentro de parcela; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_{mf}^2 : herdabilidade da média de famílias, assumindo sobrevivência completa; Ac_{fam} : acurácia seletiva de famílias, assumindo sobrevivência completa.

Para as variáveis NCM, TCH e TBH as estimativas de herdabilidade individual foram de baixa magnitude. No sistema simplificado, os valores de herdabilidade individual no sentido restrito foram consideravelmente superiores aos obtidos no método convencional para as variáveis NCM, MMC, TCH e TBH, em especial para NCM e MMC que são importantes componentes de produção. Para as demais variáveis os valores foram similares (Tabela 2).

A herdabilidade média de famílias (\hat{h}_{mf}^2) para todas as variáveis avaliadas e em ambos os métodos apresentaram alta magnitude (Tabela 2). No método convencional todas as variáveis

apresentaram valores de herdabilidade média superior a 0,70. As maiores herdabilidade média foram observadas pelas variáveis DC, AC e MMC. No sistema simplificado, as herdabilidade média de famílias variaram de 0,58 para BRIX e NCM a 0,66 para MMC.

Os resultados do presente trabalho, para as variáveis TCH e TBH no sistema simplificado, são similares aos resultados de Oliveira et al. (2013), que obtiveram valores de herdabilidade de 0,61 para TCH e 0,64 para TBH. Valores semelhantes de herdabilidade, para as variáveis NCM e TCH no método convencional, foram obtidos por Barbosa et al. (2014), sendo 0,74 para NCM e 0,78 para TCH. Em contraste, Zeni-Neto et al. (2013), obtiveram herdabilidade de 0,53 para BRIX, 0,52 para TCH e 0,50 para TBH. Do mesmo modo, Silva et al. (2015) obtiveram herdabilidade de 0,63, 0,60, 0,54 e 0,56 para as variáveis BRIX, MMC, TCH e TBH, respectivamente. Os amplos valores de herdabilidade observados por esses estudos podem ter sido ocasionados por diversos fatores, como por exemplo, diversidade nas populações e variações ambientais (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017).

No presente trabalho, os valores de herdabilidade média de famílias (\hat{h}_{mf}^2), para todas as variáveis estudadas, tanto no método convencional quanto no sistema simplificado, foram superiores à herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) (Tabela 2). Segundo Stringer et al. (2011), valores inferiores de herdabilidade individual indicam condição desfavorável para a seleção de plantas individuais, pois grande parte da variabilidade entre os indivíduos é consequência dos efeitos ambientais. Assim sendo, com base nos valores obtidos neste trabalho, a seleção é mais eficiente ao utilizar a informação de famílias do que em plantas individuais. Alguns programas de melhoramento de cana-de-açúcar têm realizado inicialmente a seleção com base em famílias, pois, deste modo, aumentam as chances de se encontrar indivíduos superiores, devido aos elevados valores genotípicos das famílias (BARBOSA et al., 2012).

A acurácia seletiva (Ac_{fam}) é um importante parâmetro na avaliação da qualidade experimental, pois demonstra se os valores preditos com base nas informações coletadas nos experimentos são correlacionados com os verdadeiros valores genotípicos dos materiais genéticos (RESENDE, 2007). Desta forma, quanto maior o valor desse parâmetro, maior é a confiança na avaliação e nos valores genotípicos preditos dos genótipos. Segundo Resende & Duarte (2007), valores de acurácia acima de 0,70 indicam alta precisão na avaliação genotípica. Assim sendo, verifica-se (Tabela 2) que as estimativas de acurácia seletiva de famílias foram satisfatórias para todas as variáveis avaliadas em ambos métodos de seleção. Entretanto, o método convencional apresentou maiores valores de acurácia do que o sistema simplificado. No método convencional, o maior valor de acurácia foi observado na variável DC e o menor

em NCM. Já no sistema simplificado, o maior valor foi apresentado pela variável MMC e o menor em NCM e BRIX (Tabela 2).

Ao comparar os experimentos notou-se que, para todas as variáveis, o método convencional apresentou herdabilidade média de famílias superior ao sistema simplificado e, conseqüentemente, maiores valores de acurácia seletiva (Tabela 2). Como a herdabilidade pode ser afetada por diversos fatores, entre eles o tamanho da amostra avaliada (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017), é importante destacar o número de indivíduos avaliados por família nesse trabalho. No método convencional, foram avaliadas 20 plantas por parcela, 80 por família, totalizando 4.800 indivíduos. Para o sistema simplificado, foi avaliado uma planta por parcela, oito por família, totalizando 480 indivíduos. De acordo com Leite et al. (2009), uma amostra de 16 plantas por parcela ou 96 plantas por família, é satisfatório para se obter estimativas aceitáveis de parâmetros genéticos em cana-de açúcar, para todas as variáveis em estudo. Contudo, com apenas oito indivíduos por família, como no caso do sistema simplificado, foi possível obter alta precisão experimental. Isso pode ser explicado pelo maior número de repetições, que possibilitou maior homogeneidade dentro do bloco (RESENDE, 2002).

As estimativas dos parâmetros genéticos e as predições dos valores genotípicos no sistema simplificado podem ser maximizadas se um maior número de plantas por família for avaliado. Segundo Resende e Barbosa (2005), com herdabilidade em torno de 0,30, como obtido no sistema simplificado, são necessários de 20 a 25 indivíduos para conseguir 90% de precisão na seleção.

3.2 Coeficiente de coincidência

As famílias dispostas nos quadrantes superior direito e inferior esquerdo apresentam o sinal do efeito genotípico coincidente nos dois métodos de seleção. Assim, ou os efeitos são positivos nos dois métodos (quadrante superior direito) ou são negativos em ambos (quadrante inferior esquerdo). As famílias localizadas no quadrante superior esquerdo e inferior direito apresentaram sinal do efeito genotípico discordante entre os métodos de seleção (Figuras 2 e 3). Segundo Coimbra et al. (2009), o genótipo que apresenta sinal positivo para o efeito genotípico contribui para o aumento da média geral do experimento, enquanto que o genótipo com sinal negativo reduziu a média geral.

Nas Figuras 2 e 3 foi possível observar que a maior parte das famílias estão localizadas nos quadrantes superior direito ou inferior esquerdo, sendo que os valores variaram de 66,7% para NCM a 78,3% para AC. No quadrante superior direito, onde se localizam as famílias

superiores e concordantes entre os métodos de seleção, pode-se observar que o número de famílias coincidentes variou de 18 para as variáveis NCM e TBH a 25 para AC. Por outro lado, no quadrante inferior esquerdo, onde se encontram as famílias inferiores e concordantes em ambos métodos, o número de famílias coincidentes foi de 21 para as variáveis BRIX e DC a 25 para TBH. O maior número de famílias discordantes entre o método convencional e o sistema simplificado foi observado na variável NCM onde 20 famílias estão localizadas ou no quadrante superior esquerdo ou inferior direito.

Figura 2 – Distribuição dos efeitos genotípicos das 60 famílias entre o método convencional e o sistema simplificado para as variáveis: (AC) altura média de colmos (A), (DC) diâmetro médio de colmos (B), (NCM) número de colmos por metro (C) e MMC (Massa média de colmos).

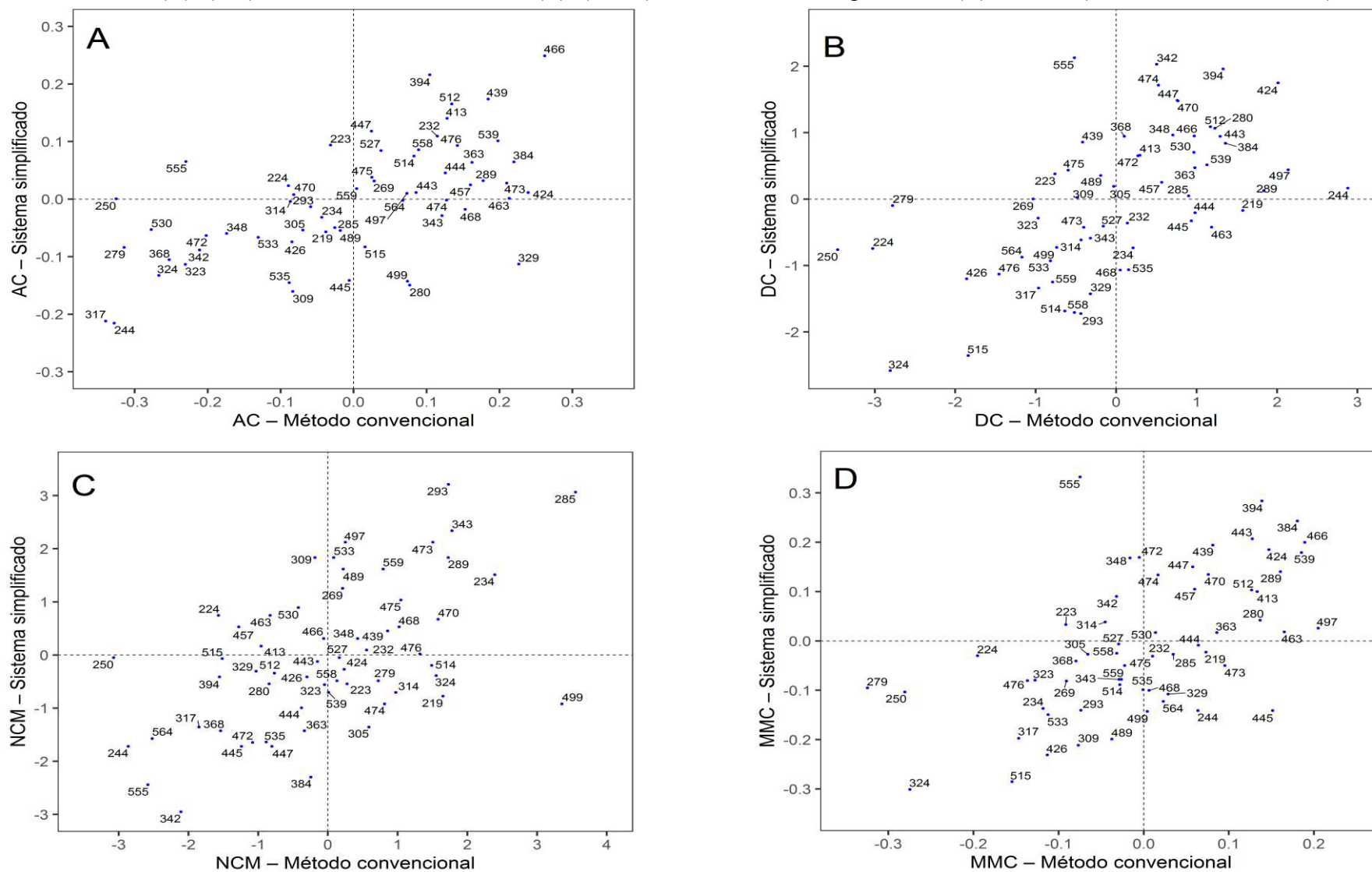
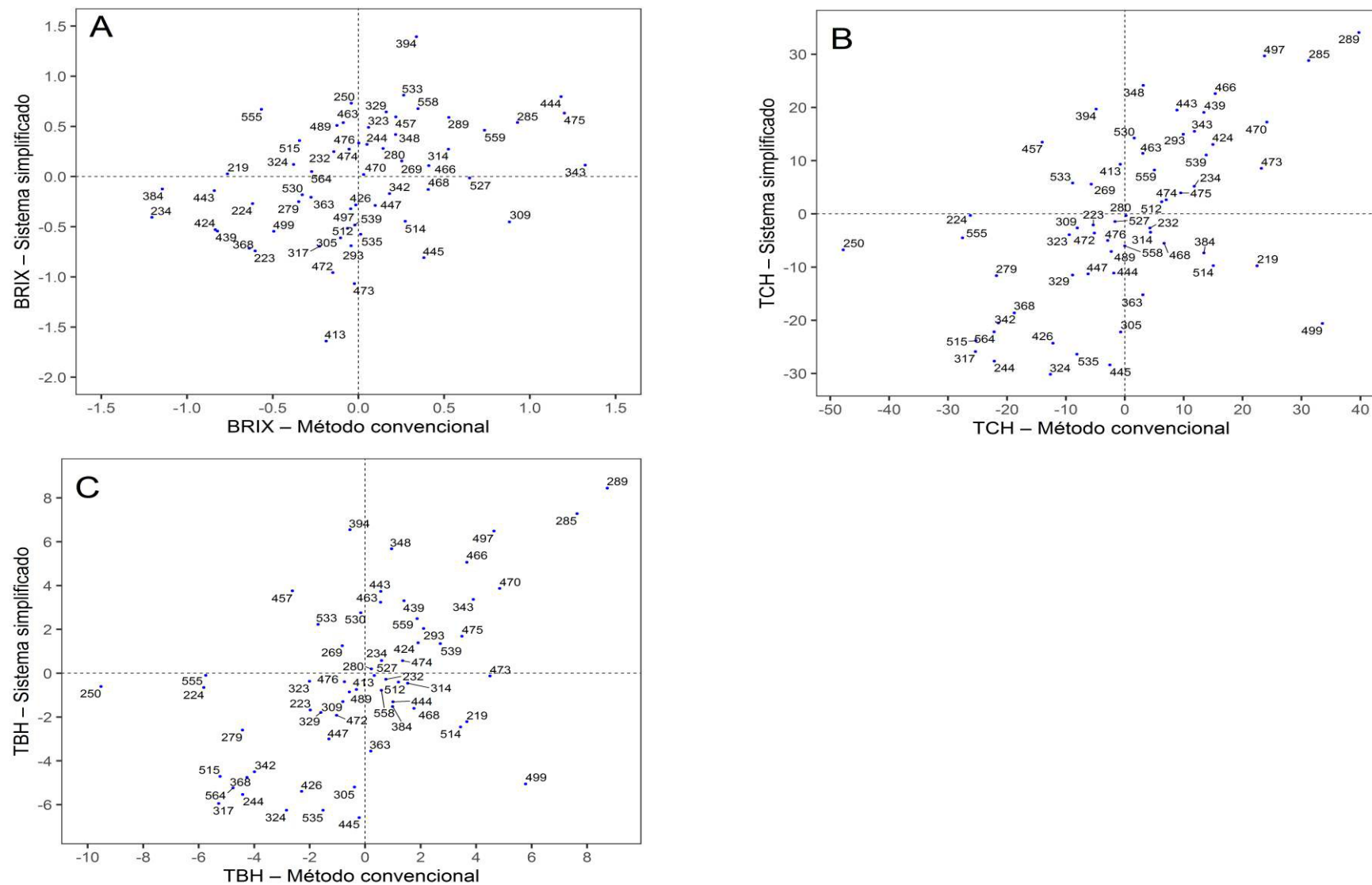


Figura 3 – Distribuição dos efeitos genotípicos das 60 famílias entre o método convencional e o sistema simplificado para as variáveis: (BRIX) teor de sólidos solúveis totais (A), (TCH) toneladas de colmos por hectare (B) e (TBH) toneladas de Brix por hectare (C).



Por meio da análise gráfica pode-se observar que os métodos apresentam boa concordância quanto a identificação tanto de famílias superiores quanto de inferiores (Figuras 2 e 3). Neste sentido, de acordo Resende & Barbosa (2006), as famílias com valores genotípicos abaixo da média experimental (efeitos genotípicos negativos) podem ser descartadas pelo fato de apresentarem baixa probabilidade de se encontrar genótipos potenciais.

Em relação ao coeficiente de coincidência entre os métodos de seleção, pode-se observar (Tabela 3) uma boa coincidência entre as famílias selecionadas pelos dois métodos. Os valores de coeficiente de coincidência variaram de 58,3 (TBH) a 66,7% (AC, DC, MMC e TCH). Estes resultados indicam que a maior parte das famílias selecionadas na metodologia convencional seriam selecionadas no sistema simplificado, pois, em torno de 60% das famílias foram coincidentes. De acordo com Pedrozo et al. (2009), quanto maior o coeficiente de coincidência entre dois métodos de seleção, maior será a concordância dos resultados de seleção entre eles.

Tabela 3 – Coeficiente de coincidência entre os métodos de seleção, considerando a seleção das 24 melhores famílias, para as variáveis estudadas.

Variáveis	Nº total de famílias	Nº de famílias selecionadas	Nº de famílias coincidentes	Coeficiente de coincidência (%)
AC	60	24	16	66,7
DC	60	24	16	66,7
BRIX	60	24	15	62,5
NCM	60	24	15	62,5
MMC	60	24	16	66,7
TCH	60	24	16	66,7
TBH	60	24	14	58,3

AC, DC, BRIX, NCM, MMC, TCH e TBH, são as variáveis: altura média de colmos, diâmetro médio de colmos, teor de sólidos solúveis totais, número de colmos por metro, massa média de colmos, toneladas de colmos por hectare e toneladas de brix por hectare, respectivamente.

3.3 Ganho genético

Os ganhos com a seleção das melhores famílias para cada variável analisada, em ambos os métodos de seleção, foram similares (Tabelas 4 e 5). Esses resultados indicam que a seleção realizada antecipadamente no sistema simplificado foi efetiva, pois possibilitou ganhos comparáveis ao método convencional. Somente a variável AC, para o método convencional, apresentou diferença de ganho superior à unidade quando comparado ao sistema simplificado.

No método convencional (Tabela 4), os maiores ganhos genéticos com a seleção foram obtidos pelas variáveis TCH e TBH. Esses ganhos representam um acréscimo de 15,40 t ha⁻¹ para TCH e 3,07 t ha⁻¹ para TBH. Por outro lado, os menores ganhos genéticos foram

verificados em BRIX e DC. Verissimo et al. (2018), observaram ganhos genéticos superiores a 90% para as variáveis TCH e TBH e menores ganhos para BRIX (12.09%).

As famílias 289, 499, 285, 470 497, 473 e 219 se destacaram, com valores genotípicos superiores a 140 toneladas de colmos por hectare. Essas famílias também se destacaram para outras variáveis (em negrito na Tabela 4). Para TBH, as famílias 289 e 285 apresentaram valores superiores a 30 t ha⁻¹. A família 289 está classificada entre as nove melhores famílias para todas as variáveis. A família 285 está relacionada entre as 24 melhores famílias para todas as variáveis estudadas, exceto para AC. Essa família apresentou o maior valor genotípico para NCM e o quarto maior para BRIX. Outro destaque foi a família 497, que obteve a primeira posição para MMC, a segunda posição para DC e a quinta para TCH e TBH (Tabela 4).

Tabela 4 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genético com a seleção das 24 melhores famílias para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH) para o método convencional. Oratórios, MG. 2020.

Ordem	(continua)							
	AC		DC		BRIX		NCM	
	Família	Vg	Família	Vg	Família	Vg	Família	Vg
1	466	2,42	244	27,15	343	21,38	285	17,64
2	424	2,39	497	26,40	475	21,26	499	17,44
3	329	2,38	424	26,28	444	21,24	234	16,48
4	384	2,38	289	26,10	285	20,99	343	15,86
5	463	2,37	219	25,84	309	20,94	293	15,81
6	473	2,37	384	25,62	559	20,79	289	15,81
7	539	2,35	394	25,59	527	20,71	219	15,73
8	439	2,34	443	25,56	289	20,59	470	15,67
9	289	2,33	280	25,49	314	20,58	324	15,64
10	363	2,32	463	25,45	466	20,47	473	15,59
11	457	2,32	512	25,44	468	20,47	514	15,57
12	468	2,31	539	25,39	445	20,44	476	15,41
13	476	2,30	444	25,24	558	20,41	475	15,13
14	512	2,29	363	25,24	394	20,40	468	15,11
15	413	2,28	466	25,23	514	20,33	314	15,06
16	474	2,28	530	25,23	533	20,32	439	14,94
17	444	2,28	445	25,20	269	20,31	474	14,90
18	343	2,28	285	25,16	457	20,28	559	14,88
19	232	2,27	470	25,03	348	20,28	279	14,81
20	394	2,26	447	25,02	342	20,24	305	14,67
21	558	2,24	348	24,97	329	20,22	232	14,64
22	443	2,24	457	24,83	280	20,20	348	14,51
23	514	2,24	474	24,79	447	20,16	223	14,36
24	280	2,23	342	24,77	323	20,12	497	14,33
\bar{X}_o		2,16		24,26		20,06		14,08
\bar{X}_s		2,31		25,46		20,55		15,42
<i>GS</i>		0,15		1,20		0,49		1,34
<i>GS%</i>		6,94		4,95		2,44		9,52

Tabela 4 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genético com a seleção das 24 melhores famílias para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH) para o método convencional. Oratórios, MG. 2020.

Ordem	MMC		TCH		TBH	
	Família	Vg	Família	Vg	Família	Vg
1	497	1,38	289	158,93	289	32,78
2	466	1,37	499	152,74	285	31,69
3	539	1,36	285	150,39	499	29,84
4	384	1,36	470	143,31	470	28,90
5	463	1,34	497	142,89	497	28,70
6	289	1,34	473	142,35	473	28,56
7	445	1,33	219	141,63	343	27,95
8	424	1,33	466	134,55	219	27,72
9	394	1,32	514	134,19	466	27,72
10	280	1,32	424	134,15	475	27,54
11	413	1,31	539	133,00	514	27,49
12	443	1,31	384	132,61	539	26,76
13	512	1,30	439	132,59	293	26,16
14	473	1,27	343	131,02	424	25,96
15	363	1,26	234	130,97	559	25,93
16	439	1,26	293	129,11	468	25,82
17	470	1,25	475	128,68	314	25,59
18	219	1,25	443	128,05	439	25,46
19	444	1,24	474	126,19	474	25,40
20	244	1,24	468	125,84	512	25,26
21	457	1,24	512	125,43	444	25,06
22	447	1,24	559	124,22	384	25,04
23	285	1,21	314	123,53	348	25,01
24	329	1,21	232	123,45	232	24,80
\bar{X}_o		1,18		119,18		24,06
\bar{X}_s		1,29		134,58		27,13
<i>GS</i>		0,11		15,40		3,07
<i>GS%</i>		9,32		12,92		12,76

Em negrito: famílias que se destacaram para TCH e outras variáveis; \bar{X}_o : média original; \bar{X}_s : média das 24 melhores famílias; *GS* e *GS%*: ganho genético com a seleção.

Tabela 5 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genético com a seleção das 24 melhores famílias para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH) para o sistema simplificado. Oratórios, MG. 2020.

Ordem	(continua)							
	AC		DC		BRIX		NCM	
	Família	Vg	Família	Vg	Família	Vg	Família	Vg
1	466	2,66	555	28,71	394	22,04	293	16,92
2	394	2,63	342	28,61	533	21,46	285	16,78
3	439	2,59	394	28,54	444	21,44	343	16,05
4	512	2,58	424	28,33	250	21,38	473	15,84
5	413	2,55	474	28,30	558	21,32	497	15,84
6	447	2,53	447	28,07	555	21,32	289	15,55
7	232	2,52	470	28,06	329	21,29	309	15,55
8	539	2,51	512	27,67	475	21,28	533	15,55
9	223	2,51	280	27,65	457	21,24	559	15,33
10	476	2,51	348	27,55	289	21,24	489	15,33
11	558	2,50	466	27,53	285	21,19	234	15,22
12	527	2,50	368	27,53	463	21,18	269	14,97
13	514	2,49	443	27,53	489	21,16	475	14,75
14	555	2,48	439	27,44	323	21,14	530	14,60
15	384	2,48	384	27,42	559	21,11	224	14,46
16	363	2,48	530	27,29	348	21,07	463	14,46
17	444	2,46	413	27,24	515	21,00	470	14,39
18	475	2,45	472	27,24	476	20,98	457	14,24
19	289	2,45	539	27,10	244	20,97	468	14,24
20	269	2,44	363	27,06	280	20,93	439	14,17
21	473	2,44	497	27,03	474	20,92	348	14,02
22	457	2,44	475	27,02	314	20,92	466	14,02
23	224	2,44	223	26,96	232	20,90	413	13,88
24	559	2,43	489	26,94	269	20,80	232	13,81
RB 867515*		2,51		29,27		21,21		15,04
RB 966928*		2,65		25,49		21,72		15,04
\bar{X}_o		2,41		26,56		20,62		13,67
\bar{X}_s		2,50		27,62		21,18		15,00
GS		0,09		1,06		0,56		1,33
GS%		3,73		3,99		2,72		9,73

Tabela 5 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genético com a seleção das 24 melhores famílias para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH) para o sistema simplificado. Oratórios, MG. 2020.

Ordem	(conclusão)					
	MMC		TCH		TBH	
	Família	Vg	Família	Vg	Família	Vg
1	555	1,74	289	170,09	289	36,68
2	394	1,69	497	165,69	285	35,52
3	384	1,65	285	164,83	394	34,78
4	443	1,61	348	160,15	497	34,73
5	466	1,60	466	158,60	348	33,92
6	439	1,60	394	155,71	466	33,30
7	424	1,59	443	155,52	470	32,11
8	539	1,58	439	155,08	457	32,00
9	472	1,57	470	153,25	443	31,98
10	348	1,57	343	151,53	343	31,60
11	447	1,55	293	150,96	439	31,54
12	289	1,54	530	150,27	463	31,47
13	470	1,54	457	149,47	530	31,00
14	474	1,54	424	149,06	559	30,73
15	457	1,51	463	147,38	533	30,47
16	512	1,51	539	147,08	293	30,28
17	413	1,50	413	145,35	475	29,93
18	342	1,49	473	144,57	424	29,63
19	280	1,45	559	144,25	539	29,59
20	314	1,44	533	141,81	269	29,49
21	223	1,44	269	141,61	234	28,81
22	497	1,43	234	141,20	474	28,81
23	463	1,42	475	139,95	280	28,43
24	530	1,42	474	138,67	555	28,14
RB 867515*		1,72		184,85		39,90
RB 966928*		1,49		160,80		35,50
\bar{X}_o		1,40		134,79		27,92
\bar{X}_s		1,54		150,92		31,46
GS		0,14		16,13		3,54
$GS\%$		10,00		11,97		12,68

* variedades utilizadas como testemunhas; Em negrito: famílias que se destacaram para TCH e outras variáveis; \bar{X}_o : média original; \bar{X}_s : média das 24 melhores famílias; GS e $GS\%$: ganho genético com a seleção.

No sistema simplificado (Tabela 5), os maiores ganhos genéticos mediante a seleção das 24 melhores famílias foram obtidos pelas variáveis TBH e TCH. Estes valores de ganhos

representam um incremento de 3,54 t ha⁻¹ para TBH e 16,13 t ha⁻¹ para TCH. Os menores ganhos genéticos foram observados em BRIX e AC. Oliveira et al. (2013), ao avaliarem 80 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar, relataram ganhos genéticos de, aproximadamente, 3,50% para BRIX, 27,00% para TCH e 28,00% para TBH.

As famílias 289, 497, 285 e 348 apresentaram valores genotípicos para TCH superiores a 160 t ha⁻¹. Essas famílias também se destacaram para outras variáveis (em negrito na tabela 5). As famílias 289, 285, 348 e 497 se destacaram entre aquelas de maiores valores genotípicos para TBH. A família 289 está relacionada entre as melhores famílias para todas as variáveis analisadas, exceto para DC. Essa família apresentou o maior valor para TCH e TBH, e o sexto maior para NCM. A família 285 se destacou na segunda posição para NCM e TBH, e terceira para TCH. A família 497 apresentou o segundo maior valor genotípico para TCH, o quarto para TBH e o quinto para NCM. As 11 melhores famílias para NCM apresentaram valores genotípicos superiores às variedades utilizadas como testemunhas. Em relação a TCH, as famílias 289, 497 e 285 foram superiores a variedade testemunha RB966928. Para TBH, somente as famílias 289 e 285 foram superiores à testemunha RB966928. A variedade testemunha RB867515 apresentou os melhores resultados para DC, TCH e TBH (Tabela 5).

Pode-se observar que a maior parte das famílias selecionadas para NCM também foram selecionadas para TCH, em ambos métodos de seleção (Tabelas 4 e 5), corroborando com Espósito et al. (2012) e Brasileiro et al. (2013) que identificaram a variável número de colmos como aquela de maior contribuição para a produção de cana-de-açúcar.

Pelos resultados apresentados, pode-se observar que as famílias apresentaram potencial para produtividade de colmos e de brix, além de outras características. Segundo Barbosa et al. (2005) e Oliveira et al. (2011; 2016), a seleção quando realizada dentro de famílias de elevados valores genotípicos tende a ser mais eficiente na identificação genótipos promissores.

Os ganhos genéticos com a seleção dos melhores indivíduos, no método convencional, variaram de 2,46 (BRIX) a 13,66% (TCH) (Tabela 6). Para a variável BRIX, pode-se observar que a maior parte dos 15 melhores indivíduos pertencem as famílias 343, 475 e 444. Este resultado demonstra o potencial destas famílias em produzir progênes com alto teor de sólidos solúveis totais. Em relação a variável NCM, verificou-se que os 15 melhores indivíduos apresentaram valores superior a 18 colmos por metro e, dentre esses, 14 são provenientes das famílias 285 e 499. Conforme discutido anteriormente, a variável NCM é a que mais contribui para a produção de cana-de-açúcar, portanto, elevados valores são desejados (Tabela 6).

Tabela 6 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genéticos com a seleção dos 192 melhores indivíduos para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH) para o método convencional. Oratórios, MG. 2020.

(continua)

Ordem ¹	AC				DC				BRIX				NCM			
	Família	Ind.	Rep.	Vg	Família	Ind.	Rep.	Vg	Família	Ind.	Rep.	Vg	Família	Ind.	Rep.	Vg
1	363	13	3	2,70	244	4	2	28,99	343	12	2	21,79	285	8	1	20,87
2	384	6	3	2,69	244	16	4	28,65	343	16	3	21,78	499	12	3	19,90
3	424	10	4	2,66	497	9	1	28,46	343	5	2	21,75	285	1	1	19,64
4	457	14	3	2,63	244	3	1	28,41	343	15	3	21,71	285	10	3	19,36
5	329	11	3	2,63	244	7	2	28,34	475	9	3	21,69	285	2	3	19,22
6	466	12	1	2,62	244	2	3	28,27	343	6	1	21,67	285	8	4	18,99
7	457	9	2	2,62	244	6	2	28,22	343	13	3	21,67	285	1	2	18,96
8	289	14	1	2,62	244	10	2	28,21	343	12	4	21,67	499	1	3	18,95
9	424	13	3	2,62	244	13	3	28,11	343	2	3	21,66	285	6	2	18,82
10	413	17	2	2,61	463	17	4	28,10	475	3	2	21,65	499	1	2	18,76
11	424	9	2	2,61	424	1	4	28,09	444	4	3	21,62	499	2	3	18,67
12	439	7	2	2,61	424	3	2	28,06	285	7	1	21,62	285	4	1	18,55
13	539	6	2	2,61	497	1	3	27,96	444	3	1	21,59	499	8	3	18,54
14	329	10	2	2,61	289	9	3	27,96	475	4	4	21,58	499	6	2	18,48
15	329	5	1	2,60	497	1	1	27,86	444	5	3	21,57	343	11	1	18,43
\bar{X}_o				2,32				25,42				20,43				15,02
\bar{X}_s				2,50				26,72				20,93				16,56
<i>GS</i>				0,18				1,31				0,50				1,54
<i>GS%</i>				7,56				5,14				2,46				10,25

Tabela 6 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genéticos com a seleção dos 192 melhores indivíduos para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH) para o método convencional. Oratórios, MG. 2020.

Ordem ¹	MMC				TCH				TBH			
	Família	Ind.	Rep.	Vg	Família	Ind.	Rep.	Vg	Família	Ind.	Rep.	Vg
1	497	6	4	1,60	289	9	3	195,93	289	9	3	40,75
2	539	7	1	1,60	499	1	1	182,05	289	1	3	37,66
3	413	17	2	1,60	289	6	1	182,01	289	6	1	37,50
4	384	6	3	1,59	289	1	3	181,58	285	1	1	37,22
5	424	19	3	1,59	499	1	2	178,98	289	11	3	36,76
6	463	17	4	1,58	289	1	1	177,04	289	1	1	36,42
7	497	1	2	1,57	289	11	3	176,89	289	14	4	36,20
8	539	11	4	1,56	289	12	2	175,21	285	8	1	35,92
9	497	9	1	1,56	289	14	4	174,83	289	12	2	35,67
10	466	8	2	1,55	285	8	1	174,44	289	8	1	35,62
11	539	10	4	1,54	289	8	1	173,41	285	8	4	35,01
12	466	1	2	1,54	285	1	1	172,92	499	1	2	34,81
13	289	1	3	1,54	219	12	2	171,26	499	1	1	34,52
14	539	7	2	1,54	499	7	4	170,06	285	16	4	34,42
15	497	8	1	1,54	499	12	3	169,45	285	1	2	34,17
\bar{X}_o				1,29				130,97				26,50
\bar{X}_s				1,42				148,87				30,09
GS				0,13				17,90				3,60
GS%				10,62				13,66				13,58

¹ Na tabela estão apresentados apenas os 15 melhores indivíduos para cada variável. Ind.: indivíduo; Rep.: repetição; \bar{X}_o : média original (480 indivíduos); \bar{X}_s : média dos selecionados (192 indivíduos); GS e GS%: ganho genético com a seleção.

Tabela 7 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genéticos com a seleção dos 192 melhores indivíduos para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) para o sistema simplificado. Oratórios, MG. 2020.

(continua)

Ordem ¹	AC			DC			BRIX			NCM		
	Família	Ind.	Vg	Família	Ind.	Vg	Família	Ind.	Vg	Família	Ind.	Vg
1	466	8	2,85	555	3	30,58	394	7	22,71	497	4	19,30
2	466	5	2,81	447	5	30,55	394	4	22,67	285	6	18,93
3	466	6	2,76	342	3	30,15	394	5	22,46	533	3	18,93
4	466	2	2,75	342	4	29,92	394	8	22,42	293	5	18,72
5	394	6	2,75	439	8	29,91	394	1	22,33	293	8	18,62
6	394	8	2,75	424	4	29,75	394	6	22,27	293	4	18,20
7	394	1	2,74	342	1	29,71	250	1	22,15	285	8	18,03
8	394	3	2,73	555	2	29,61	457	8	22,05	285	7	18,03
9	439	7	2,73	394	7	29,61	329	6	22,03	343	2	17,99
10	447	7	2,72	555	4	29,55	558	4	21,99	293	6	17,83
11	413	2	2,71	280	4	29,51	558	5	21,98	473	8	17,80
12	466	1	2,70	475	6	29,49	285	1	21,92	489	2	17,68
13	512	2	2,70	474	1	29,47	444	8	21,91	343	6	17,66
14	232	4	2,69	489	6	29,42	475	8	21,90	293	7	17,66
15	512	6	2,69	474	2	29,41	533	8	21,87	285	4	17,60
\bar{X}_o			2,41			26,57			20,61			13,66
\bar{X}_s			2,54			28,03			21,36			15,44
<i>GS</i>			0,13			1,45			0,75			1,78
<i>GS%</i>			5,43			5,47			3,62			13,05

Tabela 7 – Valores genotípicos (Vg) e ganhos genéticos com a seleção dos 192 melhores indivíduos para as variáveis altura média de colmos (AC), diâmetro médio de colmos (DC), teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e número médio de colmos (NCM), massa média de colmos (MMC), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) para o sistema simplificado. Oratórios, MG. 2020.

Ordem ¹	MMC			TCH			TBH		
	Família	Ind.	Vg	Família	Ind.	Vg	Família	Ind.	Vg
1	555	2	2,12	443	3	219,39	497	4	47,20
2	439	8	2,07	497	4	213,60	443	3	44,46
3	384	8	1,96	497	5	192,59	394	1	43,52
4	555	4	1,95	533	3	190,66	533	3	41,98
5	394	1	1,94	394	1	188,56	497	5	41,08
6	466	2	1,92	530	1	188,43	289	2	40,80
7	555	8	1,91	289	3	187,52	289	3	40,43
8	289	5	1,88	348	8	186,63	285	1	40,16
9	443	2	1,88	348	2	186,22	348	8	40,10
10	348	3	1,87	289	2	185,39	289	4	40,06
11	394	3	1,87	466	5	184,80	466	2	39,81
12	424	4	1,87	466	2	184,27	466	5	39,77
13	466	5	1,87	289	4	182,87	530	1	39,77
14	447	5	1,84	285	6	182,03	343	3	39,66
15	447	7	1,84	539	1	180,01	285	6	38,78
\bar{X}_o			1,40			134,75			27,91
\bar{X}_s			1,59			156,89			32,96
<i>GS</i>			0,19			22,14			5,05
<i>GS%</i>			13,76			16,43			18,09

¹ Na tabela estão apresentados apenas os 15 melhores indivíduos para cada variável. Ind.: indivíduo; Rep.: repetição; \bar{X}_o : média original (480 indivíduos); \bar{X}_s : média dos selecionados (192 indivíduos); *GS* e *GS%*: ganho genético com a seleção.

Com relação a TCH, constatou-se (Tabela 6) que a seleção dos 192 melhores indivíduos proporcionou um aumento na produção de cana-de-açúcar para $148,87 \text{ t ha}^{-1}$, o que equivale a um incremento de $17,90 \text{ t ha}^{-1}$. Pode-se observar ainda que a maior parte dos 15 melhores indivíduos apresentados na tabela possuem valores genotípicos superior a 170 t ha^{-1} . Além disso, a maior parte destes 15 indivíduos pertencem às famílias 289, 499 e 285 que foram classificadas anteriormente como as mais produtivas no método convencional. Para TBH, verificou-se que a seleção dos melhores indivíduos possibilitou um aumento da média da variável para $30,09 \text{ t ha}^{-1}$. Pode-se observar ainda que os 15 melhores indivíduos são provenientes das famílias 289, 285 e 499 e apresentaram valores genotípicos superiores a 34 t ha^{-1} (Tabela 6).

No sistema simplificado, verificou-se (Tabela 7) que os ganhos genéticos com a seleção dos 192 melhores indivíduos variaram de 3,62% para BRIX a 18,09% para TBH. Para NCM, observou-se que nove entre os 15 melhores indivíduos apresentaram valores genotípicos superiores a 18 colmos por metro (Tabela 7). Como discutido anteriormente, a variável NCM é a que mais contribui para a produção de cana-de-açúcar, deste modo, maiores valores para esta variável são almejados.

Com relação a TCH, observou-se que a seleção dos 192 melhores indivíduos possibilitou um aumento na produção de cana-de-açúcar para $156,89 \text{ t ha}^{-1}$, o que representa um acréscimo de $22,14 \text{ t ha}^{-1}$. Pode-se constatar ainda que os 15 melhores indivíduos para TCH apresentaram valores genotípicos superiores a 180 t ha^{-1} . Para TBH, verificou-se que a seleção dos 192 melhores indivíduos propiciou um aumento da média da variável para $32,96 \text{ t ha}^{-1}$, o que equivale a um incremento de $5,05 \text{ t ha}^{-1}$. Pode-se observar que os dez melhores indivíduos para a variável apresentaram valores genotípicos superiores a 40 t ha^{-1} (Tabela 7). Pode-se notar que o sistema simplificado seleciona indivíduos superiores de diferentes famílias, o que garante maior variabilidade nas etapas seguintes do programa de melhoramento. Por outro lado, o método convencional seleciona indivíduos superiores em poucas famílias.

De modo geral, pode-se notar que o sistema simplificado apresentou maiores ganhos genéticos com a seleção de indivíduos quando comparado ao método convencional. Esses resultados indicam que a seleção realizada antecipadamente nos indivíduos de melhor vigor foi efetiva em selecionar as plantas de elevado valor genotípico para a maioria das variáveis.

De acordo com os resultados obtidos, pode-se observar que os dois métodos de seleção possibilitam identificar tanto famílias quanto indivíduos superiores para serem utilizados nas etapas seguintes do melhoramento de cana-de-açúcar. Neste sentido, é importante destacar algumas vantagens do sistema simplificado sobre o convencional.

No sistema simplificado é possível, por exemplo, avaliar milhares de plântulas em uma área experimental bastante reduzida (redução do tamanho dos experimentos), e assim diminuir os custos de produção e de experimentação, além de reduzir o tempo de coleta dos dados por meio da otimização dos trabalhos de campo. Todas essas características possibilitam reduzir o número de anos para indicação de uma nova variedade. Outra característica do sistema simplificado é a possibilidade de se avaliar precocemente o potencial das famílias em relação às principais doenças da cana-de-açúcar.

Apesar dos resultados promissores obtidos neste trabalho novas avaliações devem ser realizadas. Os resultados apresentados são relacionados a cana-planta. Deste modo, torna-se necessário avaliações em cana-soca e ressoca, além de um maior número de experimentos para comprovar a eficiência de seleção do sistema simplificado.

4 CONCLUSÕES

Ambos os métodos apresentam alta precisão na avaliação genotípica, com elevados valores de herdabilidade e acurácia seletiva.

Houve boa coincidência entre os métodos quanto a identificação das famílias superiores e inferiores.

Os ganhos genéticos com a seleção das melhores famílias foram similares entre os métodos. Para seleção de indivíduos os maiores ganhos foram observados no sistema simplificado, exceto para AC.

5 REFERÊNCIAS

- BARBOSA, M. H. P.; FERREIRA, A.; PEIXOTO, L. A.; RESENDE, M. D. V.; NASCIMENTO, M.; SILVA, F. F. Selection of sugar cane families by using BLUP and multi-diverse analyses for planting in the Brazilian savannah. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, p. 1619-1626, 2014.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.443-450, 2005.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BARBOSA, G. V. S.; OLIVEIRA, R. A.; PETERNELLI, L. A.; DAROS, E. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 87-98, 2012.
- BARBOSA, M. H. P.; SILVEIRA, L. C. I. Melhoramento Genético e Recomendação de Cultivares. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Ed.). **Cana-de-açúcar: bioenergia, açúcar e etanol - tecnologias e perspectivas**. Viçosa: UFV, 2012. cap. 11, p. 313-331.
- BNDES/CGEE (Org.). **Bioetanol de cana-de-açúcar: energia para o desenvolvimento sustentável**. Rio de Janeiro: BNDES, 2008. 316p.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. rev. e ampl. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2017. 543p.
- 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.
- BRASILEIRO, B. P.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Consistency of the results of path analysis among sugarcane experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 113-119, 2013.
- CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A. et al. Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): A Reference Study for the Regulation of Genetically Modified Cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 1, p. 62-89, 2011.
- COIMBRA, J. L. M. et al. Mineração da interação genótipo x ambiente em *Phaseolus vulgaris* L. para o Estado de Santa Catarina. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 355-363, 2009.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. Terceiro levantamento da Safra 2019/2020. Brasília: CONAB, 2019. 58 p.
- 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, n. 2, p. 265-270, 2012.
- DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; OLIVEIRA, R. A. **Programa de melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da UFPR: 25 anos de pesquisa**. 1. ed. Curitiba: Graciosa, 2016.

DUTRA FILHO, J. A.; BASTOS, G. Q.; MACHADO, P. R.; SILVA, L. J.; NETO, D. E. S.; CHAVES, A.; SILVA, F. S. G. Estimativa do ganho por seleção para produtividade em famílias de cana-de-açúcar. **Comunicata Scientiae**, v. 3, n. 1, p. 35-40, 2012.

ESPÓSITO, D. P.; PETERNELLI, L. A.; PAULA, T. O. M.; BARBOSA, M. H. P. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v. 42, n. 1, p.38-44, 2012.

HENRY, R. J. Basic Information on the Sugarcane Plant. In: HENRY, R. J.; KOLE, C. (Ed.). **Genetics, Genomics and Breeding of Sugarcane**. Boca Raton: CRC Press, 2010. cap. 1, p. 1-7.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. (Ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2008. p. 101-179.

LEITE, M. S. O.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D. Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1562-1574, 2009.

MATSUOKA, S.; FERRO, J.; ARRUDA, P. The Brazilian experience of sugarcane ethanol industry. **In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant**, v. 45, n. 3, p. 372-381, 2009.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 225-274.

MELO, L. J. O. T. **Sistema simplificado de seleção para a fase inicial do melhoramento genético da cana-de-açúcar**. 2014. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, 2014.

MORAIS, L. K. et al. **Melhoramento genético de cana-de-açúcar**. Aracajú: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2015. 38p. (Embrapa Tabuleiros Costeiros, Documentos, 200).

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK FILHO, J. C. B.; ZAMBON, J. L. C.; RUARO, L. Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 4, p. 427-434, 2013.

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

OLIVEIRA, R. A.; FERNANDEZ LUCIUS, A. S.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; WEBER, H.; VERISSIMO, M. A. A. Performance of sugarcane families at different stages of a selection program. **International Sugar Journal**, v.16, n. 5, p. 378-381, 2016.

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

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M. D.; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. D. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, 2009.

R Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 25 de novembro de 2019.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 5. ed. rev. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 565p.

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362p.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330 -339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, 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; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 130p.

SILVA, F. L.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; PEDROZO, C. A. Efficiency of selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 1, p. 1-9, 2015.

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, n. 1, p. 36-41, 2011.

VERISSIMO, M. A. A.; OLIVEIRA, R. A.; SILVA, S. D. A.; DAROS, E.; HARTE, A. Genetic parameters and performance of sugarcane families under cold stress in the South of Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 5, p. 583-592, 2018.

ZENI-NETO, H.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; SCAPIM, C. A.; VIDIGAL M. C. G.; FILHO, P. S. V. Selection of families and parents of sugarcane (*Saccharum* spp.) through mixed models by joint analysis of two harvests. **Euphytica**, v. 193, n. 3, p. 391-408, 2013.