

IRLANE TOLEDO BASTOS

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE CLONES E VARIEDADES
DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* spp.)**

Tese 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”.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2001

A Deus, meu Senhor, que esteve sempre ao meu lado
e nunca me desamparou.
Nos momentos de incertezas e tribulações guiou meus passos,
renovou minhas forças e me deu ânimo para continuar.

*“Confia os teus cuidados ao Senhor, e ele te sustentará:
jamais permitirá que o justo seja abalado” (SL 55:22).*

AGRADECIMENTO

A Deus, pelo amor, pelo cuidado, pela paz e pelo sustento a cada dia.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização deste curso.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao meu futuro esposo Giulliano Pinto Costa, pelo amor, pelo carinho, pela compreensão e dedicação, sentimentos que me fortaleceram e me ajudaram a vencer.

Aos meus pais Herculano de Souza Bastos e Maria Geralda Toledo Bastos, pela confiança e certeza de que sempre estarão dispostos a me ajudar.

Aos meus irmãos, cunhados e sobrinhos, por me proporcionarem momentos de alegria e paz.

Aos meus futuros sogros Sérgio Costa e Regina, e a seus filhos Juciana e Reggiane, pelo carinho, pela atenção, pelo cuidado e pela família que representam para mim.

À Cooperativa de Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (COPERSUCAR), pelas sementes concedidas para a realização desde trabalho, e em especial, ao Gerente de Fitotecnia Dr. Willian Lee Burnquist e ao Pesquisador José Antônio Bressiani, pelo apoio.

Ao Pesquisador da COPERSUCAR Jorge Alberto Gonçalves da Silva, pela aceitação em compor a banca examinadora, pelas críticas, pelo incentivo e sugestões.

Ao Professor Orientador Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela compreensão, pelos ensinamentos, pela oportunidade e pelo apoio totalmente necessários e indispensáveis para realização deste trabalho.

Ao Professor Cosme Damião Cruz, pelo profissionalismo, pela orientação, pelas sugestões e pelos ensinamentos, que foram fundamentais para as tomadas de decisões e realização deste trabalho.

Ao Professor Luís Alexandre Peternelli, pela colaboração, pelo apoio e orientação.

Ao Professor Tocio Sedyama, pela aceitação em compor a banca examinadora, pelas sugestões, pelas críticas e pelo incentivo.

Aos funcionários da Estação Experimental do Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA), Oratórios-MG, pelo companheirismo e pela disposição em nos ajudar na coleta dos dados.

Aos meus colegas e amigos, pelas dúvidas esclarecidas, pela paciência, pela disponibilidade em me ajudar, agradeço de coração.

BIOGRAFIA

IRLANE TOLEDO BASTOS, filha de Herculano de Souza Bastos e Geralda Maria Toledo Bastos, nasceu em Governador Valadares, MG, no dia 24 de outubro de 1975.

Em março de 1999, graduou-se em Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa. Em abril do mesmo ano, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, em nível de mestrado, defendendo tese em 09 de março de 2001.

ÍNDICE

	Página
RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Classificação botânica	3
2.2. Introdução da cana-de-açúcar no Brasil	4
2.3. Florescimento e hibridação	6
2.4. Programas de melhoramento no Brasil	8
2.5. Seleção de clones e de famílias	8
2.6. Identificação de cruzamentos com potencial genético desejável para o desenvolvimento de novas variedades de cana	11
2.7. Ação gênica predominante nos principais caracteres da cana-de-açúcar	14
2.8. Interação genótipo x ambiente	15
2.9. Base genética utilizada no melhoramento e efeito citoplasmático	16

	Página
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1. Análise de variância	21
3.2. Análise dialética	23
3.2.1. Descrição do modelo	24
3.2.2. Estimaco dos efeitos da capacidade combinatria	24
3.2.3. Obteno das somas de quadrados dos efeitos da capaci- dade combinatria	28
3.3. Anlise dos efeitos recprocos	29
4. RESULTADOS E DISCUSSO	30
5. RESUMO E CONCLUSES	41
REFERNCIAS BIBLIOGRFICAS	43

RESUMO

BASTOS, Irlane Toledo, M.S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2001.
Capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*). Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa.
Conselheiros: Cosme Damiano Cruz e Luiz Alexandre Peternelli.

A capacidade combinatória das variedades, IAC86-2210, SP81-1763, SP87-365, e dos clones, SP82-6108, SP84-2029, SP86-96, SP88-754, SP88-819, foi avaliada segundo um dialelo desbalanceado, com híbridos F'1s (Filho et al., 1992). Os cruzamentos foram realizados na Estação de Cruzamentos da COPERSUCAR, em Camamu-BA. As sementes foram semeadas em bandejas, sob condições de casa-de-vegetação, no Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA) da Universidade Federal de Viçosa, MG. O transplântio das mudas foi realizado no mês de fevereiro de 1999, e a coleta dos dados em julho de 2000 na soca. O delineamento utilizado foi o látice 7x7 com três repetições. As variáveis analisadas foram: número total de colmos por parcela (NC), peso médio de colmos, em kg por parcela (PMC), Brix médio por parcela (Brix), toneladas de canas por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH) e porcentagem de colmos floridos por parcela (%CF). A análise dos dados revelou que há variabilidade entre as famílias, para todas as variáveis. A análise de variância dialélica evidenciou que todos os quadrados médios foram

estatisticamente significativos, indicando heterogeneidade nos efeitos das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, e mostrando a importância tanto dos efeitos gênicos aditivos como dos não-aditivos na expressão dos caracteres. Os caracteres Brix, NC e %CF apresentaram predominância dos efeitos aditivos, fato este verificado pela maior estimativa dos componentes quadráticos associado à CGC. Os demais caracteres apresentaram os componentes quadráticos da CEC superiores. As estimativas dos efeitos da CGC revelaram que o clone SP82-6108 é um bom genótipo para formar populações cujas progênes apresentam boa produtividade de cana e açúcar por hectare, e possivelmente, maior diâmetro de colmos em razão dos efeitos negativos da CGC para NC e positivos para PMC. O genitor SP88-819 difere do anterior apenas por produzir progênes com maior perfilhamento (efeitos positivos da CGC para NC), ao invés de maior diâmetro (efeitos negativos da CGC para PMC). Os genitores SP81-1763 e SP84-2029 também apresentam genes favoráveis ao aumento do perfilhamento da cana-de-açúcar, produzindo progênes de menor diâmetro de colmos, mas não contribuem em elevar a produtividade. As estimativas dos efeitos da CEC mostraram a importância de alguns híbridos no melhoramento da cana-de-açúcar. Dentre estes destacam-se: SP82-6108 x SP87-365, SP82-6108 x SP88-754, SP81-1763 x SP82-6108, IAC86-2210 x SP88-754, SP88-819 x SP87-365, IAC86-2210 x SP86-96, IAC86-2210 x SP81-1763, SP84-2029 x SP88-819 e SP81-1763 x SP88-819. Pela comparação das médias dos híbridos F'1s com seus respectivos híbridos recíprocos, verificou-se que cinco (NC, BRIX, TCH, TBH, %CF) das seis características avaliadas apresentaram efeito recíproco não significativo. A variável peso médio de colmos (PMC) apresentou efeito recíproco significativo para 87,5% dos cruzamentos.

ABSTRACT

BASTOS, Irlane Toledo, M.S., Universidade Federal de Viçosa, March 2001.
Combination ability in clones of sugar-cane varieties (*Saccharum* spp.).
Adviser: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Committee Members: Cosme
Damião Cruz and Luiz Alexandre Peternelli.

The combination ability of the varieties IAC86-2210, SP81-1763, SP87-365 and clones SP82-6108, SP84-2029, SP86-96, SP88-754, SP88-819 were evaluated according to an unbalanced diallele, with hybrid F'1s (Filho et al., 1992). The crossings were performed at the Estação de Cruzamentos of COPERSUCAR in Camamu-BA. The seeds were planted on a tray under greenhouse conditions at the Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA) of the Universidade Federal de Viçosa, MG. The seedling transplanting was accomplished on February 1999 and the data collection was conducted on July 2000 at ratoon. The experimental design was a 7 x 7 lattice with three replications. The following variables were used: total number of stalks in each plot (NC); average stalk weight, in kg for each plot (PMC); average Brix for each plot (Brix); cane tons for hectare (TCH); Brix tons for hectare (TBH); and percentage of flowered stalks for each plot (%CF). The data analysis showed the occurrence of variability among families for all variables. From the diallele variance analysis it was evidenced that all mean squares were statistically

significant, so indicating heterogeneity in effects of the general (CGC) and specific (CEC) combination abilities, and showing the importance of both additive and non-additive gene effects in expression of the traits. The traits Brix, NC and %CF presented a predominance of the additive effects due to the largest estimate of the quadratic components associated to CGC. The other traits presented superior quadratic components for CEC. The estimates of the CGC effects revealed that the clone SP82-6108 is a good genotype to forming populations from which the progenies are productive, providing a good sugar productivity, and possibly a larger stalk diameters due to the negative CGC effects for NC and positive for PMC. The genitor SP88-819 just differs from the previous one only for producing progenies provided with larger tillering (positive CGC effects for NC) instead of larger diameter (CGC negative effects for PMC) The genitors SP81-1763 and SP84-2029 also presents favorable genes favoring the increase of sugar-cane tillering, so producing progenies with smaller stalk diameters, however they don't contribute to increase productivity. The estimates of the CEC effects showed the importance of some hybrids in sugar-cane improvement. Among these hybrids are: SP82-6108 x SP87-365, SP82-6108 x SP88-754, SP81-1763 x SP82-6108, IAC86-2210 x SP88-754, SP88-819 x SP87-365, IAC86-2210 x SP86-96, IAC86-2210 x SP81-1763, SP84-2029 x SP88-819 and SP81-1763 x SP88-819. By comparing the averages of the hybrids F'1s with their respective reciprocal hybrids, it was verified that five (NC, BRIX, TCH, TBH, %CF) of the six evaluated traits presented significant reciprocal effect. The variable average stalk weight (PMC) presented a significant reciprocal effect for 87.5% crossings.

1. INTRODUÇÃO

Um dos principais desafios encontrados pelos melhoristas de plantas é a escolha das combinações parentais que irão gerar as populações segregantes a serem submetidas à seleção. A identificação de cruzamentos capazes de produzir genótipos superiores é altamente desejável para o desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar, especialmente considerando-se o tempo de 10 a 15 anos para lançamento dos novos materiais a partir das hibridações. Portanto, praticar a seleção de clones em populações com potencial genético superior, certamente, contribuirá para maior eficiência do programa de melhoramento.

A predição do cruzamento promissor envolve a hibridação dos pais escolhidos e a avaliação das progênies resultantes de cada cruzamento, o que possibilitará estimar os parâmetros que formarão a base da predição. Esta metodologia é uma aplicação poderosa, comparada com os métodos convencionais, os quais utilizam de muito empirismo, mas, será tanto mais eficiente se houver possibilidade de basear a predição diretamente na performance parental (BROWN e CALIGARI, 1989).

Diversos métodos têm sido propostos para escolha de populações em espécies autógamas e alógamas (BAENZIGER e PETERSON, 1992). Dentre esses, destaca-se o de cruzamentos dialélicos.

Os aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos foram discutidos por VENCOVSKY (1970). Conforme sugeriu SPRAGUE e

TATUM (1942), a capacidade combinatória pode ser definida como a performance de um cultivar ou clone em combinação com outras cultivares ou clones. A capacidade geral de combinação (CGC) refere-se à performance média de uma cultivar ou clone em combinação híbrida, enquanto a capacidade específica de combinação (CEC) é usada para designar aqueles casos em que certas combinações híbridas são melhores ou piores do que o esperado com base na performance média das cultivares ou clones envolvidos.

A capacidade combinatória é diferenciada considerando-se o modo de ação gênica envolvida (GRIFFING, 1956). Assim, a CGC está associada a genes de efeitos principalmente aditivos, além de parte dos efeitos dominantes e epistáticos. Portanto, quando o efeito dos locos é aditivo, a variância genética total é a soma das variâncias genotípicas separadas para cada loco. Por outro lado, a CEC depende, basicamente, de genes com efeitos dominantes e de vários tipos de interações.

Apesar da cana-de-açúcar ser um poliplóide, a interpretação do tipo de ação gênica predominante é semelhante à mesma utilizada para organismos diplóides. Estudos de genética quantitativa têm sido feitos com cana-de-açúcar (HOGARTH, 1971 e 1977). A violação de algumas suposições concernentes à teoria da genética quantitativa foi discutida por HOGARTH (1977) e FALCONER (1987).

Com base no exposto, os objetivos do presente trabalho foram: 1) avaliar a ação gênica predominante nos principais caracteres da cana-de-açúcar; 2) identificar cruzamentos com potencial genético desejável para o desenvolvimento de novas variedades de cana; e 3) identificar presença ou ausência de efeito recíproco nos cruzamentos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Classificação botânica

A cana-de-açúcar é uma planta alógama (WALKER, 1987). Pertence à família *Gramineae* (*Poaceae*), tribo *Andropogoneae* e gênero *Saccharum*. Em nível de espécie, a classificação botânica mais aceita é aquela relatada por Jeswiet (1925), modificada por Brandes (1956), conforme citado por DANIELS e ROACH (1987). Segundo esses autores, no gênero *Saccharum* ocorrem seis espécies: *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. sinense*, *S. barberi* e *S. edule*.

S. officinarum ($2n=80$) é também conhecida por cana-nobre. Este foi um termo criado pelos melhoristas holandeses, em 1920, em razão de seu elevado teor de açúcar. Esta é uma das principais espécies que contribuíram com genes para as cultivares de cana-de-açúcar cultivadas atualmente no mundo, sendo considerada um aloploplóide com pequeno pareamento preferencial quando cruzado com *S. spontaneum* (MING et al., 1998).

S. sinense ($2n=111$ a 120) é conhecida como cana-da-china, e *S. barberi* ($2n=81$ a 124) como cana-da-índia. Estas também foram cultivadas no passado, mas contribuíram com menos genes do que as canas-nobres para as cultivares atuais.

As espécies não cultivadas são *S. spontaneum* ($2n=40$ a 128) e *S. robustum* ($2n=60$ a 205). Embora *S. spontaneum* não seja cultivada, ela

proporcionou, no início do século 20, a retomada do crescimento da indústria do açúcar no mundo, após as severas epidemias de doenças ocorridas na época. *S. spontaneum* é considerada um autopoliplóide (SILVA, 1993) e é uma espécie altamente polimórfica. Existem plantas pequenas, e outras chegando a mais de 5 m de altura enquanto o diâmetro de colmos varia de 3 a 15 cm. As principais contribuições dessa espécie para o melhoramento da cana-de-açúcar foram o vigor, o perfilhamento, a capacidade de rebrota da soqueira e tolerância a estresses, doenças e pragas. Em resumo, pode-se dizer que a rusticidade das cultivares atuais é devida, principalmente, aos genes provenientes de *S. spontaneum*.

S. edule ($2n=60$ a 80) é uma espécie que possui inflorescência comestível e tem sido cultivada em jardins na Nova Guiné e Ilhas Fiji. É a única que não contribuiu com genes para as cultivares empregadas atualmente na indústria do açúcar e do álcool.

As cultivares atuais, classificadas como *Saccharum* spp., são híbridos formados pelo cruzamento das espécies anteriormente mencionadas, exceto *S. edule*. A maioria é fértil e possui número de cromossomos variando de 100 a 130. A cana-de-açúcar é um alopoliplóide segmental (ROACH e DANIELS, 1987).

Em cana-de-açúcar não se pode assumir herança diplóide; entretanto, segundo HOGARTH (1987), algumas evidências sugerem herança semelhante aos diplóides, e os desvios dessas suposições não seriam significativos.

2.2. Introdução da cana-de-açúcar no Brasil

A cultura foi introduzida no Brasil no início do século XVI. Foram introduzidos clones híbridos de *S. officinarum* com *S. barberi* (grupo mungo), denominados cana-crioula ou cana-da-terra. Assim, a primeira fase da cultura da cana no Brasil compreendeu o início do período colonial até meados do século XVIII. No entanto, a cana-crioula extinguiu-se em virtude da alta suscetibilidade ao vírus-do-mosaico (MATSUOKA et al., 1999a).

As canas-nobres, *S. officinarum*, foram introduzidas no início do século XIX. No Brasil, uma das principais cultivares era conhecida como caiana. Por sua vez, esses clones contendo maior teor de açúcar, em relação às canas-

crioulas, tiveram a área de cultivo aumentada; e por volta da metade do século XIX, as canas-nobre constituíram a principal base para a indústria do açúcar no mundo, bem como no Brasil (MATSUOKA et al., 1999a).

Por volta de 1850, ocorreu uma epidemia de gomose nas lavouras, doença causada por bactéria, e que provocou uma crise na produção de cana-de-açúcar, resultando em grandes prejuízos para a indústria de açúcar no mundo. Essas epidemias geraram a necessidade de busca novas opções de cultivares. Assim, surgiram os primeiros programas de melhoramento de cana-de-açúcar, em Java e Barbados. Ambos iniciaram o melhoramento da cana-de-açúcar simultânea e independentemente. Em Java com o botânico holandês Soltwedel e em Barbados com Harrison e Bovell (HEINZ e TEW, 1987; LEVI, 1992; HOGARTH et al., 1997).

Basicamente, esses programas desenvolveram híbridos interespecíficos, principalmente entre *S. officinarum* e *S. spontaneum*, por meio de um processo denominado nobilitação, em que os cruzamentos entre aquelas espécies eram retrocruzados com *S. officinarum*. Esses híbridos (*Saccharum* spp.) foram introduzidos no Brasil no início do século XX, dando início a uma nova fase da cultura, substituindo as cultivares Caiana, Cristalina, Listada, Roxa, Rosa e Manteiga.

Em épocas passadas, a melhoria do cultivo da cana-de-açúcar baseou-se na periódica substituição de cultivares selecionadas da população natural, tanto as surgidas por mutações como oriundas de cruzamentos naturais. Até meados do século XIX, pensava-se que esta planta havia perdido sua capacidade de reprodução sexual, pois, por longo tempo, fora multiplicada por gemas em forma de clones (LEVI, 1992).

A primeira indicação do potencial de reprodução sexual da cana-de-açúcar foi relatada por J.W. Parrish, em Barbados, em 1858. Este observou que as mudas de cana cresciam espontaneamente no campo (HEINZ e TEW, 1987; LEVI, 1992). No Brasil, existem relatos de que Peixoto Lima, aproximadamente em 1842, observara que a cana-de-açúcar reproduzia-se por sementes. Porém, este fato não é considerado na literatura estrangeira. Segundo Machado Júnior (1987), citado por PIRES (1993), no Brasil, particularmente em Pernambuco, em 1892, o produtor Manoel Cavalcanti colheu sementes da inflorescência da cana caiana e produziu a primeira

variedade. Seguindo esse pioneirismo, em 1910, foi criada a Estação Experimental de Escada, em Pernambuco. No decorrer do tempo, foram criadas outras estações que, a exemplo da primeira, foram aos poucos sendo desativadas (PIRES, 1993).

A cana-de-açúcar constitui um fator de grande importância econômica e social no Brasil. É cultivada, em aproximadamente, cinco milhões de hectares, principalmente para a produção de açúcar e álcool, bem como para fabricação de aguardente e alimentação de bovinos. O Brasil é hoje o país líder na produção e exportação de açúcar e em área plantada com cana-de-açúcar, como também é o único a utilizar em grande escala, o álcool como combustível alternativo de veículos (MATSUOKA et al., 1999a e 1999b).

2.3. Florescimento e hibridação

Para realizar a hibridação, a primeira necessidade é o florescimento e seu sincronismo. Estes dois fatores foram, sem dúvida, uma das grandes barreiras encontradas pelos melhoristas de cana-de-açúcar. Visando solucionar este problema, alguns pesquisadores estudaram as zonas onde a cana-de-açúcar floresce regularmente, bem como seu centro de origem, e concluíram que as condições agroecológicas favoráveis a seu florescimento constitui-se de temperatura mínima de 18°C e máxima de 32 a 35°C, umidade relativa e precipitações elevadas, solos pobres, latitude entre 10°N e 10°S (LEVI, 1983 e 1992).

No Brasil, existem duas estações de cruzamentos, onde o florescimento da maioria dos genótipos é possível em condições naturais, sem a necessidade de controle artificial do ambiente. A estação de cruzamentos da Serra-do-Ouro, em Murici-AL, fornece sementes para a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), enquanto a estação de cruzamentos em Camamu-BA pertence à Cooperativa de Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (COPERSUCAR) (MATSUOKA et al., 1999b). Nos países onde as exigências agroecológicas não são satisfatórias, o florescimento só é possível com a utilização de câmaras climáticas, onde a temperatura, umidade, luz e nutrientes são devidamente controlados (LEVI, 1983).

O florescimento e hibridação são influenciados por vários fatores do ambiente, tais como latitude, fotoperíodo, temperatura, umidade, radiação e qualidade da luz e a altitude, que altera os quatro últimos fatores citados e nutrição. Todos eles atuam em combinação com os fatores bióticos, isto é, idade da planta, estágio vegetativo e doenças.

Dentre os métodos de hibridação da cana-de-açúcar, o que se tem usado é o policruzamento, que consiste em reunir grande número de genitores para que se inter cruzem, e o cruzamento simples (biparentais) em que os genitores masculinos e femininos são conhecidos. Este é, preferivelmente, o mais utilizado pelos melhoristas. Para tornar viáveis os cruzamentos, desenvolveu-se uma solução ácida, que permite manter vivos os colmos retirados do campo durante todo o tempo necessário para maturação da semente (HEINZ e TEW, 1987).

A cana-de-açúcar é uma planta alógama devido a dois fatores, isto é, auto-incompatibilidade e macho-esterilidade. Este último é importante na determinação do modo como o genótipo será utilizado no programa de melhoramento (HEINZ e TEW, 1987). Ele poderá participar como clone que fornecerá pólen ou como clone que receberá pólen. Dependendo do potencial do clone fêmea em liberar pólen viáveis, ele deverá passar por um processo de emasculação (JAMES, 1980). A emasculação é uma ferramenta importante para se evitar a autofecundação nos cruzamentos biparentais. Dentre os vários tratamentos propostos, o mais utilizado é o tratamento com água quente a 50°C durante 4,5 minutos (MACHADO JR. et al., 1995).

Sob o aspecto comercial, o florescimento é indesejável, porque interrompe o crescimento bem como consome energia, podendo secar as células parenquimatosas, fenômeno este denominado “chochamento” ou “isoporização”. Por isso, a renitência ao florescimento é um caráter procurado na seleção de cultivares, e tem sido também um dos fatores responsáveis pelo não florescimento dos clones utilizados nos cruzamentos, obrigando os programas de melhoramento localizarem a estação de cruzamentos em locais onde mesmo estes genótipos mais renitentes possam florescer regularmente e ter fertilidade.

2.4. Programas de melhoramento no Brasil

Os primeiros programas de melhoramento no Brasil, surgiram no início do Século XX. As contribuições proporcionadas pelos diversos programas, durante este século, são apresentadas por MATSUOKA et al. (1999a).

Atualmente, no Brasil, existem três grandes instituições desenvolvendo trabalhos de melhoramento da cana-de-açúcar, tais como: o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), a Cooperativa de Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (COPERSUCAR) e a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA). Esta última é composta por uma rede de seis Universidades Federais (UFSCAR, UFRRJ, UFPR, UFAL, UFRPE e UFV), que incorporaram o patrimônio físico, pessoal e genético do PLANALSUCAR, extinto em 1990, dando continuidade às atividades de cruzamento, seleção e avaliação de clones (MATSUOKA et al., 1999a). O IAC lança variedades IAC e IACSP, a COPERSUCAR as variedades SP e a RIDESA as variedades RB. Atualmente, dos cinco milhões de hectares plantados no Brasil, aproximadamente 50% são variedades RB e 50% variedades SP.

2.5. Seleção de clones e de famílias

O melhoramento genético da cana-de-açúcar baseia-se na seleção e clonagem de genótipos superiores de populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos sexuais entre indivíduos diferentes. Para maximizar a eficiência deste processo, são realizadas diferentes etapas, envolvendo a escolha adequada dos genitores e a quantificação dos efeitos ambientais na expressão de cada caráter sob seleção (MATSUOKA et al., 1999a).

As metodologias de seleção utilizadas nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, no mundo, têm sido bastante variáveis (SKINNER et al., 1987; COX e HOGARTH, 1993). As cultivares são produzidas por hibridação, seguida de seleção massal, a nível de indivíduo e posterior clonagem. A seleção tem sido aplicada desde a escolha dos cruzamentos até às fases finais de avaliação dos clones promissores, em usinas e destilarias.

Existem várias alternativas de se realizar a seleção, considerando-se porcentagem de indivíduos selecionados, forma, tamanho e número de parcelas experimentais, delineamento estatístico, número de locais, incidência de doenças, dentre outras. Cada programa tem estabelecido as melhores alternativas para conduzir o processo seletivo com base nos recursos disponíveis e nas particularidades do sistema de produção de cana nas regiões ou países. Os programas têm sido dinâmicos no tempo, melhorando a eficiência da seleção pela adoção de novas metodologias e aperfeiçoamento daquelas já existentes (HOGARTH et al., 1997; MATSUOKA et al., 1999a; COPERSUCAR, 2000; BARBOSA e SILVEIRA, 2000a).

Recentemente, as análises do comportamento de famílias em cana de açúcar têm sido fator de grande importância no programa de melhoramento genético, no Brasil e no mundo. As seleções de clones são efetuadas dentro de famílias que mantêm um bom comportamento (MARIOTTI et al., 1981).

Tem sido relatado, pelo programa de melhoramento da cana-de-açúcar da Austrália (BSES), que o número de clones elites, avaliados nas fases posteriores de teste clonal, tem aumentado significativamente quando se combina a seleção de famílias com a seleção massal (COX et al., 1996). Este programa avalia cerca de 250 famílias por ano em cana-planta, sendo as parcelas colhidas mecanicamente. A seleção de indivíduos é feita no ano posterior, na soca. Normalmente, cerca de 30 a 40% das famílias são selecionadas, e dentro destas famílias seleciona-se 40% dos indivíduos. Neste caso, as parcelas têm sido representadas por 20 genótipos e repetidas quatro vezes.

De fato, aplicar a seleção massal em famílias superiores aumenta a probabilidade de identificar clones-elites. Conseqüentemente, melhora-se a eficiência de uso dos recursos disponíveis para condução do programa de melhoramento.

Para tanto, faz-se necessário selecionar previamente as famílias superiores. Tais inferências podem ser obtidas pela avaliação, em delineamentos experimentais, de um grupo de clones que representariam cada família, conforme empregado por JACKSON et al. (1998). Outra alternativa consiste em avaliar as famílias em ensaios com repetição. Neste caso, as parcelas seriam constituídas de indivíduos ainda não clonados, os quais,

juntos, proporcionariam informações sobre a valor genético das famílias avaliadas, como aplicado por STRINGER et al. (1996).

SKINNER et al. (1987) desenvolveram estudos, mostrando a herdabilidade no sentido amplo das principais características utilizadas no melhoramento da cana-de-açúcar. Esses estudos basearam-se em dados individuais e de famílias. Para o caráter produção a herdabilidade foi de 0,17 ou menor quando baseada em dados individuais. Com os dados de família seu valor aumentou para 0,75 na Austrália e 0,48 em Fiji. Para Brix, as estimativas com base em dados individuais foram 0,27 (Havaí) e 0,65 (Austrália), enquanto para famílias estes valores subiram para 0,53 e 0,90 respectivamente. Estes resultados sugerem, que na fase inicial do programa, a seleção individual realizada para Brix é bastante eficiente, enquanto para os demais caracteres a seleção com base nas médias de famílias é mais eficiente, em razão da baixa herdabilidade dos mesmos. Assim, muitos melhoristas optam em selecionar entre as famílias, escolhendo aquelas cujas médias fenotípicas são superiores, ou optam pela taxa de seleção como critério para selecionar as famílias, bem como para identificar os cruzamentos superiores.

Segundo HOGARTH (1977), em estágios mais avançados de seleção, em que os clones são avaliados em parcelas maiores, a variância do erro torna-se menos importante e a herdabilidade com base no indivíduo tende a ser maior. Nesta fase, a seleção individual seria eficiente, pois, existe uma variação genética adequada para os caracteres de maior importância. Muitos programas de melhoramento praticam a seleção individual em “seedling”, comprometendo a eficiência da seleção.

HOGARTH (1971) já relatava maior eficiência, no programa de melhoramento da cana-de-açúcar, com a seleção praticada em famílias: “A seleção de família poderia ser mais eficiente que a seleção individual das mudas originais nos estágios de seleção”. Porém, naquele momento, a ausência de máquinas apropriadas para pesagem e corte dos experimentos inviabilizava pesquisas mais detalhadas. As parcelas constituídas pelas famílias eram cortadas e pesadas manualmente, tornando o experimento economicamente inviável. Com o desenvolvimento de máquinas móveis de pesagem na Austrália, surgiu a oportunidade de se investigar os possíveis

avanços obtidos com a seleção de família, em experimentos mais complexos (HOGARTH et al., 1997).

Segundo JACKSON et al. (1995a), a seleção de família tem sido implantada em todos os programas de seleção regionais australianos. SIMMONDS (1996) incentiva a seleção de famílias em cana-de-açúcar, enfatizando seu uso rotineiro nas indústrias de açúcar da Austrália, e nos programas de melhoramento da batata na Escócia.

Várias pesquisas demonstraram que a combinação seleção de famílias com seleção massal dentro das famílias selecionadas, nas primeiras etapas de seleção dos programas de melhoramento, proporcionará maiores ganhos genéticos, e a frequência de clones superiores, posteriormente, será comparativamente maior do que aquelas em que a seleção foi apenas massal ou apenas familiar (McRAE et al., 1993; COX et al., 1996).

Quanto ao caráter utilizado para avaliar as famílias, MARIOTTI e CUENYA (1992) demonstraram que o número de colmos é o componente de maior estabilidade entre as mesmas, sendo importante para prever ganhos esperados com seleção. MARIOTTI et al. (1981) também concluíram que uma amostra de 20 genótipos, por família, seria suficiente para estimar com precisão a média da família para a maioria dos caracteres.

Entretanto, qualquer que seja a forma de avaliar as famílias, ainda figura a questão do número de indivíduos necessários para representar a performance das famílias avaliadas. Há trabalhos que sugerem tamanhos de amostras de 20 até 150 plantas para avaliação de características como Brix, produção de colmos e os componentes de produção (BARBOSA e SILVEIRA, 2000b). Neste contexto, é importante definir em quanto é possível reduzir o tamanho da parcela nos ensaios de famílias, pois, com isso poderiam reduzir custos, ou mesmo testar maior número de famílias com o mesmo recurso.

2.6. Identificação de cruzamentos com potencial genético desejável para o desenvolvimento de novas variedades de cana

Diversos têm sido os critérios para escolha dos cruzamentos. Em linhas gerais, consideram-se a divergência genética e a associação de características de importância agroindustrial dos genitores.

Os genitores, por sua vez, são cultivares ou clones nacionais ou introduzidos de outros países. Preferencialmente, nos cruzamentos são empregados clones e cultivares desenvolvidos no País ou região, pois estes geralmente apresentam nível de produtividade elevado, além de associarem outras importantes características agroindustriais. Mesmo utilizando este critério, verifica-se que o número de combinações possíveis de serem realizadas, durante a campanha de cruzamentos, é muito grande. Portanto, uma alternativa para orientar os cruzamentos, que preferencialmente deveriam ser realizados, consiste na estimativa da divergência genética, empregando-se o coeficiente de Malecot, conforme sugerido por BARBOSA (2000). Contudo, é importante ressaltar que as estimativas de parentesco são apenas tendências preliminares para se fazer inferências sobre as combinações parentais mais divergentes. Os cruzamentos pré-selecionados desta forma, e realizados, deverão ser avaliados posteriormente em ensaios com repetição, pois a média da progênie de cana-de-açúcar não pode ser predita somente pela média dos genitores, especialmente quando se considera caráter quantitativo.

Na tentativa de obter maior eficiência nos programas de melhoramento, uma nova etapa tem sido incorporada às fases iniciais dos mesmos. Esta etapa consiste em identificar cruzamentos superiores, que serão utilizados para formar a população-base sobre a qual se fará a seleção. Assim, as chances de selecionar genótipos superiores, que se transformarão em variedades bem sucedidas futuramente, são bem maiores. Outra grande vantagem atribuída a esta metodologia é a possibilidade de descarte de materiais indesejáveis, nas fases iniciais do programa, reduzindo os custos, espaço e tempo.

A predição do cruzamento promissor envolve a hibridação dos pais escolhidos e a avaliação das progênies resultantes de cada cruzamento, para que se possa estimar os parâmetros que formarão a base da predição. Esta metodologia é uma aplicação poderosa, quando comparada com os métodos convencionais, que utilizam muito empirismo, mas, será tanto mais eficiente se for possível basear a predição diretamente na performance parental (BROWN e CALIGARI, 1989).

Diversos métodos têm sido propostos para escolha de populações em espécies autógamas e alógamas (BAENZIGER e PETERSON, 1992). Dentre estes, destaca-se o de cruzamentos dialélicos. Em cana-de-açúcar, o

cruzamento dialélico tem apresentado algumas dificuldades porque alguns clones apresentam incompatibilidade, quando cruzados e, ou são macho-estéreis. Outro problema seria a ocorrência de autofecundação, uma vez que os métodos de emasculação artificial não são cem por cento eficientes (HOGARTH, 1987).

No mundo, a maioria dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, avaliam os cruzamentos pela porcentagem dos seedlings plantados que são selecionados e replantados nos estágios mais avançados de teste clonal. Uma medida mais rápida para avaliar o potencial do cruzamento poderia ser utilizada concentrando-se os trabalhos de seleção em famílias elites.

Além dos cruzamentos dialélicos, outros métodos têm sido utilizados para prever a performance da família. Um deles é a estimativa PROB. Esta estatística representa a probabilidade normal de exceder a um valor predeterminado, e é calculada com a média e variância genética ou fenotípica da família. Em batata e cana-de-açúcar a PROB tem sido um preditor útil do potencial genético do cruzamento (BROWN et al., 1988; CHANG e MILLIGAN, 1992).

Outro método para estimar o valor genético dos pais, predizendo o potencial de seleção de genótipos elites na família, é o BLUP-"Best linear unbiased predictor" (HENDERSON, 1982). Esta estatística tem sido difundida no melhoramento animal e seu uso sugerido para o melhoramento de plantas (BRIDGES, 1989).

Uma simples estatística é a própria média do cruzamento. CALIGARI e BROWN (1986) mostraram que a média da família é uma boa indicação do potencial genético do cruzamento na cultura da batata. Em cana-de-açúcar, CHANG e MILLIGAN (1992) mostraram que as estimativas da PROB, BLUP e média da família foram fortemente correlacionadas para prever, com precisão, o potencial genético do cruzamento para seleção de clones elites.

Outro método para prever o valor genético da família é a autofecundação. Este método tem a vantagem adicional de requerer somente uma família por pai avaliado, mas pode ser aplicado somente a clones parentais macho férteis. Este método foi utilizado por BROWN e CALIGARI (1989) na cultura da batata. Os autores encontraram coeficientes de correlação moderados entre o "Mid-Self Value", que é uma analogia do "Mid-Parent

Value", e a média da progênie para aparência de planta, peso médio de tubérculos e número de tubérculos. Para peso total de tubérculos, a correlação foi ainda maior.

Um dos métodos preditivos que proporcionam uma estimativa em menor espaço de tempo, comparativamente aos métodos citados anteriormente, é o "Mid-Parent Value", isto é, o valor médio dos pais. A vantagem deste método é requerer apenas o valor médio dos pais para ser estimado. Entretanto, deve ter seu uso bastante limitado, haja visto que em cana-de-açúcar há uma parte considerável da variação de produção de cana e de açúcar devido aos efeitos não aditivos dos genes.

2.7. Ação gênica predominante nos principais caracteres da cana-de-açúcar

Como a maioria das características de importância agrônômica parece possuir herança quantitativa, os geneticistas de cana-de-açúcar têm se dedicado ao estudo preferencial desta herança.

O estudo da herança quantitativa sugere que o efeito gênico predominante no teor de Brix é aditivo, sendo não-aditivo para os componentes de produção (HOGARTH, 1980). HOGARTH (1977) também verificou que a variância devido aos efeitos de dominância foi tão importante quanto a variância devido aos efeitos aditivos, para o caráter tonelada de cana por hectare. A variância devido aos efeitos epistáticos foi predominante para o caráter peso de colmos. Para Brix e número de colmos, a variância aditiva foi mais importante. Numa população de canas havaianas, HOGARTH et al. (1981) encontraram predominância da variância devido aos efeitos de dominância, para volume de cana e número de colmos, enquanto a variância epistática era mais importante para diâmetro de colmos.

Estudos envolvendo cruzamentos dialélicos mostram que os efeitos genéticos não-aditivos são importantes na produção de colmos e de açúcar por área (YANG e CHU, 1962; MILLER, 1977; RAO e ETHIRAJAN, 1983). Entretanto, esses resultados devem ser interpretados com cautela devido à possibilidade de ter ocorrido autofecundação, além do pequeno número de genitores envolvidos no dialelo (HOGARTH, 1987).

HOGARTH (1987) afirma que há evidências de que a seleção de genitores para teor de açúcar seja mais eficiente que a seleção para componentes de produção.

HOGARTH et al. (1981), baseando-se em vários estudos, concluíram que a variância genética aditiva é superior para sólidos refratométricos, número de colmos, diâmetro de colmos, altura e volume de colmos. Também relataram a significância da variância genética não-aditiva para todas as características, exceto para sólidos refratométricos e número de colmos. Tal fato implica ser a CEC tão importante quanto a CGC.

A CGC tem sido usada mais eficientemente para recomendar genitores a serem utilizados em policruzamentos, e CEC para recomendar genitores para cruzamentos biparentais (HEINZ e TEW, 1987).

2.8. Interação genótipo x ambiente

Estimativas dos componentes de variância genética e de ambiente de caracteres poligênicos são extremamente importantes para aplicação do conhecimento científico no desenvolvimento de programas de melhoramento vegetal. Para o melhorista de plantas, é fundamental conhecer quanto da variação existente é devida a causas genéticas aditivas e não-aditivas e ambientais, porque lhe possibilitará prever o resultado da seleção, bem como, optar com maior segurança pela estratégia ou método de seleção a ser empregado.

Alguns estudos têm mostrado que as interações genótipo x ambiente ou família x ambiente são importantes em alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar. Logo, o conhecimento dos fatores ambientais que causam tais interações é importante e necessário, uma vez que possibilita situar os ensaios de seleção em locais onde os ganhos genéticos sejam maximizados. JACKSON et al. (1995b) demonstraram que alguns nutrientes do solo (cálcio, zinco e cobre) foram responsáveis em proporcionar interação família x ambiente, sugerindo que o nível destes nutrientes no solo, ou fatores relacionados a estes, poderiam ser responsáveis por tal interação.

Experimentos realizados em mais de um local e ambiente, pela Estação Experimental do Açúcar em Boreau, na região de Bundaberg-

Austrália, mostraram que as interações genótipo x ambiente e genótipo x local, para as principais características agroindustriais da cana-de-açúcar, foram consideravelmente elevadas, podendo afetar os ganhos por seleção. Logo, percebeu-se que aquela estação, era insuficiente para se concentrar todo o processo de seleção, e o uso de pelo menos um outro local seria recomendado para seleção (BULL et al., 1992). Como resultado dessa pesquisa, as famílias têm sido plantadas em dois ou mais locais em Bundaberg. Nenhuma interação família x ambiente foi verificada, quando um grande número de famílias foram plantadas e analisadas em dois locais, por dois anos consecutivos, afirmam HOGARTH et al. (1997).

2.9. Base genética utilizada no melhoramento e efeito citoplasmático

MUKERJEE (1957), revisando a origem e distribuição do gênero *Sacchrum*, demonstrou que os gêneros *Sacchrum*, *Erianthus* sec. *Ripidium* *Henrard*, *Sclerostachya* e *Narenga* formam um grupo de intercruzamentos, denominado “complexo *Saccharum*”. Uma revisão sobre estes gêneros, realizada por DANIELS et al. (1975), incluiu o gênero *Miscanthus* e confirmou o forte relacionamento do grupo.

Embora a base genética que constitui o complexo *Saccharum* envolva cinco espécies do gênero *Saccharum*, outros gêneros relacionados são representados por mais de 2.000 acessos das coleções mundiais (BERDING e ROACH, 1987). Entretanto, a base genética explorada pelos programas de melhoramentos tem sido considerada, por alguns autores, bastante restrita. Tal fato é consequência do processo denominado “nobilização”, que é o procedimento em que canas-nobres *S. officinarum* foram cruzadas com o híbrido natural Kassoer (*S. officinarum* x *S. spontaneum*), ou com o clone Chunnee (*S. barberi*), e retrocruzados com as canas-nobres, objetivando, principalmente, a resistência a doenças e a garantia da alta concentração de sacarose e vigor vegetativo proporcionado pelas canas-nobres, fato este ocorrido em meados do século XIX e cuja metodologia estendeu-se aos demais programas de melhoramento.

Atualmente os cultivares de cana-de-açúcar plantados são híbridos, cuja constituição genética predomina a contribuição de *S. officinarum*, com

participação menor de *S. spontaneum*, *S. sinense-barberi* e, em alguns poucos, *S. robustum*.

MANGELSDORF (1983) demonstra sua preocupação com a limitada base genética, chamando a atenção para os riscos da restrita diversidade citoplasmática, que nos híbridos comerciais depende apenas do citoplasma da espécie *S. officinarum*.

Do ponto de vista citogenético, os resultados das hibridações interespecíficas são muito interessantes, conforme pode-se observar no Quadro 1 (BARBOSA e SILVEIRA, 2000c). No cruzamento entre canas-nobres ocorre redução normal dos cromossomos. Neste caso, 40 + 40 cromossomos resultam em híbridos com 80 cromossomos. No entanto, no cruzamento da cana-nobre ($2n=80$) com *S. spontaneum* ($2n=64$) ocorre comportamento do tipo $2n+n$, isto é, todo o complemento somático do genitor feminino é transmitido aos descendentes. Assim, o híbrido apresenta proporção de 29% de genes de *S. spontaneum*; o que ocorre por duas gerações de retrocruzamento. A partir da terceira geração, houve redução no número de cromossomos nos gametas femininos formados. Desta forma, limitou o fato do aumento indeterminado do número de cromossomos nestes híbridos. Portanto, as cultivares atuais são híbridos interespecíficos complexos, aneuplóides. Em sua maioria, eles são férteis, seu número de cromossomos varia de 100 a 130, e apresentam aproximadamente de 5 a 10% de genes dos materiais exóticos não cultivados, principalmente de *S. spontaneum* (BARBOSA e SILVEIRA, 2000c).

Quadro 1 - Dados citogenéticos da nobilização em cruzamentos entre *S. officinarum* e *S. spontaneum*

Fêmea		Macho	F ₁	Proporção na F ₁
NN (80)	x	NN (80)	n+n (40+40=80)	N=100%
NN (80)	x	SS (64)	2n+n (80+32=112)	S=29%
NN (80)	x	NNS (112)	2n+n (80+56=136)	S=12%
NN (80)	x	NNS (136)	n+n (40+68=128)	S=6%

N = *S. officinarum* (espécie cultivada conhecida como cana-nobre); S = *S. spontaneum* (espécie não cultivada).

As teorias e os resultados experimentais, que permitem explicar o(s) mecanismo(s) de transmissão do número somático de cromossomos através dos gametas femininos, são discutidos por SCREENIVASAN et al. (1987). Por outro lado, BURNER e LEGENDRE (1993) relataram, somente, transmissão do tipo n+n em cruzamentos envolvendo híbridos interespecíficos.

Embora os programas de melhoramento tenham sido apoiado numa base genética estreita, grandes avanços têm sido obtidos relativamente à produção, à resistência a doenças, ao teor de sacarose, à precocidade, à adaptação, dentre outros, mostrando a existência de ampla variabilidade destes genótipos (HOGARTH et al., 1981), variabilidade esta resultante da heterozigosidade e da alta ploidia dos clones.

3. MATERIAL E MÉTODOS

As variedades IAC86-2210, SP81-1763 e SP87-365, e os clones SP82-6108, SP84-2029, SP86-96, SP88-754, e SP88-819 constituíram os genitores utilizados em um cruzamento em dialelo balanceado, segundo método 1 de GRIFFING (1956). Este foi realizado na Estação de Cruzamentos da COPERSUCAR, em Camamu-BA. As sementes provenientes desses cruzamentos foram enviadas e plantadas no Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA) da Universidade Federal de Viçosa-MG, localizada no município de Oratórios-MG.

Oratórios está geograficamente localizada a 20°25'S e 42°48'W, com 494 m de altitude. A topografia e o tipo de solo onde o experimento foi montado são, respectivamente, baixada e Latosolo Vermelho-amarelo.

Devido à auto-incompatibilidade e, ou macho-esterilidade, alguns cruzamentos não produziram sementes, e outros produziram número insuficiente de sementes para compor as parcelas do ensaio. Esses problemas foram bastante acentuados nos cruzamentos recíprocos e nas autofecundações. Assim, dos 64 possíveis tratamentos, apenas 47 produziram sementes suficientes, permitindo sua avaliação no campo. Os cruzamentos, que originaram esses tratamentos, são apresentados esquematizados no Quadro 2. Para análise do látice 7x7, delineamento utilizado no plantio do experimento, foram acrescentados dois tratamentos que não fizeram parte dos

cruzamentos dialélicos, perfazendo, assim, um total de 49 tratamentos, permitindo a análise do látice 7x7.

Quadro 2 - Relação dos cruzamentos (endogâmicos, dos híbridos F'1s e dos recíprocos) envolvendo oito genitores de cana-de-açúcar segundo o modelo proposto por GRIFFING (1956) para um dialelo balanceado

Genótipos	IAC86-2210	SP81-1763	SP82-6108	SP84-2029	SP86-96	SP88-754	SP88-819	SP87-365
IAC86-2210	*	x	x	x	x	x	x	x
SP81-1763	x	x	x	x	x	x	x	x
SP82-6108	x	x	*	x	x	x	x	x
SP84-2029	x	x	x	x	x	x	x	x
SP86-96	*	x	x	x	*	x	x	x
SP88-754	x	x	x	*	x	x	x	x
SP88-819	*	*	*	*	*	*	*	*
SP87-365	x	*	x	x	*	*	x	*

X = cruzamentos que produziram sementes; * = Cruzamentos que não produziram sementes.

A obtenção e transplântio dos “seedlings” foram realizados conforme descrito por BARBOSA e SILVEIRA (2000a).

O experimento totalizou 147 parcelas, cuja área total ocupada foi 0,5084 ha. Cada parcela foi composta por seis sulcos de 3,5 m, espaçados de 1,40 m, sendo cada sulco constituído por sete plantas com espaçamento de meio metro entre elas. Assim, a área útil da parcela foi 29,4 m. Como bordadura lateral, foram utilizados dois sulcos da variedade RB72454. Como adubação, utilizou-se 500 kg/ha da fórmula 05-25-25 no plantio.

Em julho de 1999, todas as plantas foram cortadas manualmente com facção, submetendo-se os clones à seleção natural para capacidade de rebrota em condições ambientais desfavoráveis (época seca e fria). Em julho de 2000, fez-se a coleta dos dados em cana soca.

Todos os procedimentos realizados durante a coleta dos dados são descritos a seguir.

1. Medidas de Brix tomadas planta a planta, com a amostragem feita no 5^o entrenó, a contar da base para o ápice. As leituras foram feitas através de refratômetro de campo;
2. Contagem do número total de colmos por sulco; e
3. Contagem do número de colmos floridos por sulco.

Após a tomada dos dados, as plantas foram queimadas e cortadas, fazendo-se o desponte do ponteiro. Posteriormente, deu-se início à nova etapa de tomada de dados listada abaixo:

1. Amostragem aleatória e pesagem de 10 colmos por sulco; e
2. Peso total dos colmos por sulco.

Realizada a tomada dos dados, fez-se necessário obter as variáveis que comporiam as análises. Das medidas individuais de Brix obteve-se a variável Brix médio por parcela ou tratamento; o peso de 10 colmos, por sulco, também foi transformado em peso médio de colmos por parcela. Do número total de colmos e peso total de colmos por sulcos, obtiveram-se o número e peso total de colmos por parcela. O número de colmos floridos foram transformados em percentagem de colmos floridos por parcela. Foi também estimada a tonelada de cana por hectare (TCH), utilizando a seguinte expressão: $(\text{Peso total da parcela em kg} \times 10) / 29,4$. Em que 29,4 é a área útil da parcela em m². A tonelada de Brix por hectare (TBH) foi obtida pela equação: $(\text{TCH} \times \text{Brix médio}) / 100$.

Logo, no total, foram analisadas seis variáveis a saber: número total de colmos por parcela (NC), peso médio de colmos por parcela (PMC), em quilos por parcela, Brix médio por parcela (Brix), em graus Brix, toneladas de canas por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH) e porcentagem de colmos floridos por parcela (%CF).

3.1. Análise de variância

O experimento foi montado segundo o delineamento em látice quadrado 7x7, com três repetições. Tal procedimento foi necessário, uma vez que a área não era suficientemente homogênea, apresentando algumas manchas no solo, e o número de tratamentos era elevado (GOMES, 1985).

Nesta análise, adotou-se procedimento rotineiramente usado na área de melhoramento, em que se consideram as fontes de variação tratamento e resíduo. O quadrado médio de tratamento é obtido a partir das médias ajustadas, e o resíduo é dado pelo erro efetivo. Para estimação dos componentes de variância, admite-se que a E(QM) seja similar à obtida para experimentos em blocos ao acaso.

Com os dados das variáveis, procedeu-se à análise do látice, cujo esquema da análise de variância é apresentado a seguir.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Repetições	r-1		-	
Bloco/repetição	r(k-1)		-	
Tratamento (ajustado)	k ² -1	QMT	$\sigma^2 + \sigma_g^2$	QMT/QMR
Resíduo (erro efetivo)	(k-1)(rk-k-1)	QMR	σ^2	

r = Número de repetições; k = Número de blocos por repetição.

A partir da análise em látice, foram calculadas as estimativas dos seguintes parâmetros: componentes de variância genótipo $\hat{\sigma}_g^2$ e fenotípico $\hat{\sigma}_f^2$, coeficientes de variação experimental (%CVe), coeficientes de variação genético (%CVg), relações (CVg/CVe) e herdabilidades (h^2), para cada característica. Os estimadores utilizados para estes parâmetros são descritos a seguir.

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMT - QMR}{r}$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMT}{r}$$

$$\%CVe = \frac{\sqrt{QMR}}{\bar{X}} \times 100$$

$$\%CVg = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{X}} \times 100$$

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

Estimaram-se os intervalos de confiança para as herdabilidades segundo a metodologia descrita por KNAPP et al. (1985). Conforme esses autores a herdabilidade é definida como $1-(\theta_2/\theta_1)$, e os intervalos podem pela equação, $P\{1-[(M_1/M_2)F_{1-\alpha/2;gl2,gl1}]^{-1} \leq 1-(\theta_2/\theta_1) \leq 1(M_1/M_2)F_{\alpha/2;gl2,gl1}]^{-1}\} = 1-\alpha$, serem estimados. Para o presente trabalho, M_1 é o valor estimado para o quadrado médio do tratamento (QMT) e M_2 é o valor estimado para o quadrado médio do resíduo (QMR). θ_1 e θ_2 são os reais valores dos quadrados médios do tratamento e do resíduo, respectivamente, e α é o nível de significância.

As médias ajustadas foram submetidas ao teste de agrupamento de médias Scott Knott, cuja metodologia é descrita por SCOTT e KNOTT (1974).

3.2. Análise dialélica

GRIFFING (1956) desenvolveu metodologias de análise dialélica, que podem ser classificadas em quatro métodos experimentais, de acordo com a inclusão ou não dos genitores e, ou híbridos F'1s recíprocos, que são:

- Método 1: são incluídas as p^2 combinações;
- Método 2: são incluídas $p(p+1)/2$ combinações, faltando os híbridos F'1s recíprocos;
- Método 3: são incluídas $p(p-1)$ combinações, faltando os genitores;
- Método 4: são incluídas $p(p-1)/2$ combinações, faltando os genitores e híbridos F'1s recíprocos.

Na ausência de alguns tratamentos, e admitindo não haver efeito recíproco para as características estudadas, optou-se por analisar os dados em dialelo desbalanceado com análise apenas dos híbridos F'1s, excluindo-se as informações dos recíprocos (FILHO et. al., 1992). Portanto, foi necessário fazer um rearranjo das médias ajustadas, ou seja, se um dado tratamento possuía apenas a média do híbrido F'1 ou apenas a média do híbrido recíproco, então, a média utilizada na análise dialélica para aquele tratamento representava o F'1 com três repetições independentemente de sua origem. Mas, se o tratamento possuía ambas as médias, então, uma nova média era obtida

através destes dois valores, a qual passou a constituir a média do híbrido F'1 deste tratamento, que conseqüentemente era oriunda de seis repetições.

3.2.1. Descrição do modelo

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

em que Y_{ij} = valor médio do híbrido ij ($i, j = 1, 2, \dots, p; i < j$); m = média geral; g_i e g_j = efeitos da capacidade geral de combinação do i-ésimo e j-ésimo genitor, respectivamente; s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j; e $\bar{\varepsilon}_{ij}$ = erro experimental médio.

3.2.2. Estimação dos efeitos da capacidade combinatória

Os efeitos da capacidade combinatória para o dialelo desbalanceado foram estimados segundo metodologia proposta por FILHO et. al. (1992). A descrição detalhada desta metodologia é exposta a seguir

Como o vetor de erros experimentais associado a estas médias, tem distribuição independente, com média \emptyset e variância $D\sigma^2$, em que D é uma matriz diagonal $t \times t$ (t = número de tratamentos do dialelo), cujos elementos são os inversos dos números de repetições correspondentes aos tratamentos, faz-se necessário o emprego do método dos mínimos quadrados ponderados para estimações dos efeitos e das somas de quadrados dos efeitos da capacidade combinatória

Como D é uma matriz simétrica, real e positiva definida, então existe F, tal que $D^{-1} = FF'$ ($D = F^{-1}F^{-1}$). Sendo D diagonal, tem-se que F é a raiz quadrada de D^{-1} . A transformação $F'y = F'X\beta + F'\varepsilon$ prevê novas equações $z = M\beta + \delta$, em que δ é o novo vetor de erros independentemente distribuídos, com média \emptyset e variância $I\sigma^2$, em que I é uma matriz identidade.

A partir do modelo linear $z = M\beta + \delta$, estima-se β pelo método dos mínimos quadrados, cujo sistema de equações normais, resultante da minimização de $\delta'\delta$, é dado por: $M'M\hat{\beta} = M'z$ ou $(X'D^{-1}X)\hat{\beta} = X'D^{-1}Y$.

As matrizes envolvidas na estimação da capacidade combinatória do dialelo envolvendo os $p(p-1)/2$ híbridos são dadas a seguir, utilizando-se o modelo proposto por GRIFFING (1956), $\tilde{y} = X\beta + \varepsilon$

$$\tilde{y} = \begin{pmatrix} Y_{12} \\ Y_{13} \\ \dots \\ Y_{1p} \\ \dots \\ Y_{p-1p} \end{pmatrix}_{tx1} \quad X = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \dots 0 & 1 & 0 & 0 \dots 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \dots 0 & 0 & 1 & 0 \dots 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \dots 1 & 0 & 0 & 1 \dots 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \dots 1 & 0 & 0 & 0 \dots 1 \end{pmatrix}_{tx(t+p+1)} \quad \bar{\varepsilon} = \begin{pmatrix} \bar{\varepsilon}_{12.} \\ \bar{\varepsilon}_{13.} \\ \dots \\ \bar{\varepsilon}_{1p.} \\ \dots \\ \bar{\varepsilon}_{p-1p.} \end{pmatrix}_{tx1}$$

$$\beta' = \begin{pmatrix} \mu & g_1 \dots g_p & s_{12} & s_{13} \dots s_{p-1p} \end{pmatrix}_{1x(t+p+1)}$$

Os elementos de \tilde{y} são médias de r_{ij} repetições.

As matrizes D e F são, por definição, dadas por:

$$D = \begin{pmatrix} 1/r_{12} & 0 & 0 \\ 0 & 1/r_{13} & 0 \\ \dots & \dots & \dots \\ 0 & 0 & 1/r_{p-1,p} \end{pmatrix} \quad F = \begin{pmatrix} \sqrt{r_{12}} & 0 & 0 \\ 0 & \sqrt{r_{13}} & 0 \\ \dots & \dots & \dots \\ 0 & 0 & \sqrt{r_{p-1,p}} \end{pmatrix}$$

Os efeitos da capacidade combinatória são estimados por meio da solução do sistema $M'M\hat{\beta} = M'Z$. Para o dialelo que envolve apenas as combinações híbridas, tem-se

$$M'M = X'D^{-1}X = \begin{pmatrix} N & r_{1.} & r_{2.} & \dots & r_{p.} & r_{12} & \dots & r_{1p} & r_{23} & \dots & r_{p-1p} \\ r_{1.} & r_{1.} & r_{12} & \dots & r_{1p} & r_{12} & \dots & r_{1p} & 0 & \dots & 0 \\ r_{2.} & r_{21} & r_{2.} & \dots & r_{2p} & r_{21} & \dots & 0 & r_{23} & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p.} & r_{p1} & r_{p2} & \dots & r_{p.} & 0 & \dots & r_{p1} & 0 & \dots & r_{p-1p} \\ r_{12} & r_{12.} & r_{21} & \dots & 0 & r_{12} & \dots & 0 & 0 & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{1p} & r_{1p} & 0 & \dots & r_{p1} & 0 & \dots & r_{1p} & 0 & \dots & 0 \\ r_{23} & 0 & r_{23} & \dots & 0 & 0 & \dots & 0 & r_{23} & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p-1p} & 0 & 0 & \dots & r_{p-1p} & 0 & \dots & 0 & 0 & \dots & r_{p-1p} \end{pmatrix}$$

em que

$$N = \sum_{i < j} \sum r_{ij} = r_{12} + r_{13} + \dots + r_{p-1p}$$

$$r_i = \sum_{j \neq i} r_{ij} \quad (\text{para } i = 1 \text{ tem-se: } r_1 = r_{12} + r_{13} + \dots + r_{1p})$$

e

$$M'z = X'D^{-1}Y = \begin{pmatrix} \left(\sum_{i < j} \sum r_{ij} Y_{ij} \right) \\ \left(\sum_j r_{1j} Y_{1j} \right) \\ \dots \\ \left(\sum_j r_{pj} Y_{pj} \right) \\ \left(r_{12} Y_{12} \right) \\ \dots \\ \left(r_{p-1p} Y_{p-1p} \right) \end{pmatrix}$$

Da igualdade $M'M\hat{\beta} = M'z$ obtêm-se as equações normais

$$\sum_{i < j} \sum r_{ij} Y_{ij} = N\hat{\mu} + \sum_i r_i \hat{g}_i + \frac{1}{2} \sum_i \left(\sum_{j \neq i} r_{ij} \hat{s}_{ij} \right) \quad (1)$$

$$\sum_j r_{ij} Y_{ij} = r_i \hat{\mu} + r_i \hat{g}_i + \sum_{j \neq i} r_{ij} \hat{g}_j + \sum_{j \neq i} r_{ij} \hat{s}_{ij} \quad (2)$$

$$r_{ij} Y_{ij} = r_{ij} (\hat{\mu} + \hat{g}_i + \hat{g}_j + \hat{s}_{ij})$$

Como existem p e $p(p-1)/2$ estimativas de \hat{g}_i 's e \hat{s}_{ij} 's, impõem-se 1 e p restrições respectivamente. Estas restrições são apresentadas no quadro a seguir.

Estimadores	N.º estimativas	N.º restrições	Tipos de restrições
$\hat{\mu}$	1	-	-
\hat{g}_i	p	1	$\sum_i r_i \hat{g}_i = 0$
\hat{s}_{ij}	$p(p-1)/2$	p	$\sum_{j \neq i} r_{ij} \hat{s}_{ij} = 0$
Total	$p(p-1)/2 + p + 1$	$p + 1$	

Estabelecidas tais restrições tem-se pela equação (1)

$$\hat{\mu} = \frac{1}{n} \sum_i \sum_{j < i} r_{ij} Y_{ij}$$

Por meio da equação (2), verifica-se que

$$\sum_j r_{ij} Y_{ij} = r_i \hat{\mu} + r_i \hat{g}_i + \sum_{j \neq i} r_{ij} \hat{g}_j$$

A estimação dos efeitos \hat{g}_i , sob a restrição $\sum_1 r_i \hat{g}_i = 0$, é obtida pela solução do sistema $\tilde{A} \tilde{G} = \tilde{Q}$, em que

$$\tilde{Q} = \begin{pmatrix} \sum_j r_{1j} Y_{1j} - r_1 \hat{\mu} \\ \sum_j r_{2j} Y_{2j} - r_2 \hat{\mu} \\ \dots \\ \sum_j r_{pj} Y_{pj} - r_p \hat{\mu} \end{pmatrix} \quad \tilde{A} = \begin{pmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1p} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2p} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p1} & r_{p2} & \dots & r_{pp} \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad \tilde{G} = \begin{pmatrix} \hat{g}_1 \\ \hat{g}_2 \\ \dots \\ \hat{g}_p \end{pmatrix}$$

Os estimadores da capacidade específica de combinação são dados por

$$\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - (\hat{\mu} + \hat{g}_i + \hat{g}_j)$$

3.2.3. Obtenção das somas de quadrados dos efeitos da capacidade combinatória

Estas são estimadas pelo desdobramento do escalar $\hat{\beta}'M'z$ em frações estabelecidas pela soma dos produtos dos elementos de $\hat{\beta}$, associados às partições de $\hat{\mu}, \hat{g}_i$'s e \hat{s}_{ij} 's pelos elementos das partições correspondentes de $M'z$ (FILHO et al., 1992). Assim, tem-se

$$SQ(\hat{\mu}) = \hat{\mu} \sum_{i < j} \sum r_{ij} Y_{ij}$$

$$SQ(CGC) = SQ(\hat{g}_i) = \sum_i \hat{g}_i \left(\sum_j r_{ij} Y_{ij} \right) = \tilde{G}'Q$$

$$SQ(CEC) = SQ(\hat{s}_{ij}) = \sum_{i < j} \sum \hat{s}_{ij} r_{ij} Y_{ij}$$

O esquema da análise de variância do dialelo desbalanceado, envolvendo apenas os híbridos F'1s de um grupo fixo de genitores é representado abaixo.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Tratamento	$p(p-1)/2-1$	QMT		QMT/QMR
CGC	$p-1$	QMCGC	$\sigma^2 + k(p-2)\phi_g$	QMCGC/QMR
CEC	$p(p-3)/2$	QMCEC	$\sigma^2 + k\phi_s$	QMCEC/QMR
Resíduo	f	QMR	σ^2	

QMR = é o quadrado médio do resíduo, obtido do látice; f = é o grau de liberdade do resíduo obtido do látice.

Após a análise de variância do dialelo desbalanceado, foram estimados os componentes quadráticos da capacidade geral ($\hat{\phi}_g$) e específica ($\hat{\phi}_s$) de combinação, como descrito a seguir.

$$\hat{\phi}_g = \frac{QMCGC - QMR}{k(p-2)}$$

$$\hat{\phi}_s = \frac{QMCEC - QMR}{k}$$

$$k = \frac{N - \left(\sum_i n_i^2 / N \right)}{t-1}$$

em que $N = \sum_i n_i$; n_i = número de repetições do tratamento i .

3.3. Análise dos efeitos recíprocos

As médias ajustadas dos híbridos F'1s e dos recíprocos, concernentes a cada tratamento, foram testadas individualmente dada a impossibilidade de estimar os efeitos recíprocos por meio da análise dialélica. Assim, tais efeitos foram estimados e analisados segundo um teste de médias, a estatística do teste t .

A expressão para obtenção do valor da estatística t é dada por

$$t = \frac{m_{ij} - m_{ji}}{\sqrt{QMR \left(\frac{1}{n_{ij}} + \frac{1}{n_{ji}} \right)}}$$

em que m_{ij} = média ajustada do híbrido F'1, oriunda do cruzamento entre o genitor fêmea i e o genitor macho j ; m_{ji} = média ajustada do híbrido recíproco, oriunda do cruzamento entre o genitor macho i e o genitor fêmea j ; n_{ij} = número de repetições que deram origem à média do híbrido F'1, oriunda do cruzamento entre o genitor fêmea i e o genitor macho j ; n_{ji} = número de repetições que deram origem à média do híbrido recíproco, oriunda do cruzamento entre o genitor macho i e o genitor fêmea j ; QMR é o erro efetivo.

O grau de liberdade associado à estatística t é dado por: $n = n_{ij} + n_{ji} - 2$.

Todas as análises estatísticas presentes neste trabalho foram realizadas com o auxílio do programa computacional em genética e estatística - GENES (CRUZ, 1997).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O Quadro 3 apresenta o resumo da análise de variância do delineamento em látice, bem como as estimativas dos componentes de variâncias genotípico ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípico ($\hat{\sigma}_f^2$), das herdabilidades (h^2), dos coeficientes de variação experimental (%CVe) e genético (%CVg), da relação CVg/CVe e das eficiências do látice (Ef), para todos os caracteres em estudo. A significância dos quadrados médios para tratamento evidencia a ocorrência de diferenças entre as médias ajustadas dos tratamentos. Logo, existe variabilidade entre as famílias, para as seis características avaliadas, permitindo ao melhorista praticar a seleção de indivíduos superiores entre as mesmas. Os componentes de variâncias genotípico e fenotípico mostraram-se elevados e com valores bem próximos entre ambos, contribuindo para elevar a herdabilidade dos caracteres, e evidenciando que a maior parte da variação fenotípica das variáveis, ao nível de família, é devida à variação dos efeitos genotípicos. Quanto à precisão experimental, ou seja, menores valores dos coeficientes experimentais (%CVe), nota-se que, em geral, os valores do coeficiente experimental indicam precisão, suficientemente, satisfatória para todas as características. O maior valor encontrado foi para o caráter porcentagem de colmos floridos.

Quadro 3 - Resumo da análise de variância em látice, e das estimativas dos componentes de variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), das herdabilidades (h^2), dos coeficientes de variação experimental (%CVe) e genético (%CVg) das relações (CVg/CVe) e das eficiências do látice (Ef) para número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), Brix médio (Brix), toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de Brix por hectare (TBH) e porcentagem de colmos floridos (% CF)

FV	GL	Quadrados Médios					
		NC	PMC	Brix	TCH	TBH	%CF
Tratamento	48	3432,19**	11,42**	1,13**	1417,11**	71,57**	103,35**
Resíduo	78	632,80	0,04	0,27	66,12	3,05	23,16
$\hat{\sigma}_g^2$		933,12	3,79	0,28	450,33	22,84	26,73
$\hat{\sigma}_f^2$		1144,06	3,81	0,38	472,37	23,86	34,45
h^2		0,82	0,99	0,76	0,95	0,96	0,77
IC ^a		0,69 a 0,88	0,99 a 0,99	0,59 a 0,85	0,92 a 0,97	0,93 a 0,97	0,65 a 0,85
Média		248,87	10,13	22,24	92,80	20,6	9,51
%CVe		10,11	1,91	2,36	8,76	8,48	50,59
%CVg		12,27	19,22	2,40	22,87	23,20	54,34
CVg/CVe		1,21	10,06	1,02	2,61	2,73	1,07
Ef		191,80	6668,29	212,77	595,24	566,21	107,38

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F;

^a Intervalo de confiança para herdabilidade ($\alpha = 0,05$), segundo metodologia apresentada por KNAPP et al. (1985).

Os valores superiores à unidade na relação CVg/CVe indicam que a variação genética supera a variação ambiental, sendo tal fato uma garantia da possibilidade de sucesso na identificação de genótipos superiores, principalmente quando se analisa a herdabilidade dos caracteres que mostrou-se elevada para todos.

As médias ajustadas dos cruzamentos, e submetidas ao teste de agrupamento de médias de Scott Knott ao nível de significância igual a 5%, encontram-se relacionadas no Quadro 4. Neste, pode-se observar que, em geral, todas as variáveis apresentaram tratamentos com médias elevadas bem superiores à média geral da característica.

Quadro 4 - Médias do número total de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), Brix médio (Brix), tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH) e porcentagem de colmos floridos (%CF)

Cruzamentos	NC	PMC	Brix	TCH	TBH	%CF
SP82-6108 x SP87-365	258,86b	12,80a	22,80a	115,78a	26,28a	8,92b
SP82-6108 x SP88-754	263,14b	11,65c	22,14a	117,87a	25,98a	3,23b
SP82-6108 x SP88-819	274,29b	11,41c	22,48a	111,32a	25,13a	3,99b
SP81-1763 x SP82-6108	268,16b	12,32b	22,05a	113,34a	25,03a	8,14b
IAC86-2210 x SP88-754	256,99b	11,60c	22,60a	110,94a	24,92a	10,43b
SP88-819 x SP87-365	311,47a	10,01g	22,30a	109,28a	24,12a	2,74b
IAC86-2210 x SP86-96	247,22c	10,95d	22,20a	107,33a	23,59b	12,56b
IAC86-2210 x SP81-1763	242,94c	11,06d	22,74a	104,35b	23,59b	25,79a
SP84-2029 x SP88-819	314,62a	8,42j	22,55a	102,87b	23,18b	5,98b
SP84-2029 x SP87-365	275,61b	10,27f	22,18a	103,57b	22,99b	8,44b
SP88-754 x SP87-365	268,10b	10,62e	22,65a	100,31b	22,78b	9,27b
IAC86-2210 x SP82-6108	215,37d	11,45c	23,08a	96,75b	22,33b	7,17b
SP81-1763 x SP88-819	299,23a	9,76h	22,28a	100,28b	22,20b	10,12b
IAC86-2210 x SP84-2029	250,76c	10,17g	22,58a	95,22b	21,35b	6,82b
SP84-2029 x SP86-96	291,15a	9,65h	21,58b	98,41b	21,14b	9,07b
SP82-6108 x SP86-96	234,43c	11,18d	20,90b	99,91b	20,81b	3,61b
SP82-6108 x SP84-2029	238,02c	10,68e	21,74b	94,51b	20,47c	4,39b
SP84-2029 x SP88-754	225,43c	10,04g	22,30a	89,65c	20,02c	4,81b
SP86-96 x SP88-819	279,24b	9,58h	21,01b	94,57b	19,67c	11,89b
IAC86-2210 x SP88-819	205,34d	10,53e	23,69a	79,48c	18,85c	11,67b
SP81-1763 x SP87-365	246,99c	9,53h	21,93b	84,40c	18,36c	18,56a
SP88-754 x SP88-819	264,57b	8,65j	22,10a	82,50c	18,27c	9,38b
IAC86-2210 x SP87-365	203,52d	9,53h	22,99a	78,72c	18,11c	9,35b
SP81-1763 x SP88-754	239,17c	8,99i	22,41a	81,12c	18,07c	18,69a
SP81-1763 x SP86-96	254,03c	7,99k	22,22a	78,63c	17,46c	18,50a
SP81-1763 x SP84-2029	242,06c	9,11l	22,08a	78,99c	17,44c	14,49a
SP86-96 x SP88-754	247,61c	9,04l	21,57b	79,67c	17,33c	9,06b
SP86-96 x SP87-365	196,88d	6,82l	21,41b	52,01d	11,16d	5,38b
Média geral	252,21	10,26	22,23	95,67	21,23	9,97

As médias seguidas pela mesma letra constituem grupos homogêneos, segundo método de Scott Knott a 5% de probabilidade.

No Quadro 4, nota-se também que os caracteres número de colmos, peso médio de colmos, toneladas de cana por hectare e toneladas de Brix por hectare apresentaram vários tratamentos cujos grupos diferiram significativamente entre si. Os caracteres Brix e porcentagem de colmos floridos apresentaram médias mais homogêneas, com evidência de apenas dois grupos de tratamentos. Considerando apenas os caracteres toneladas de

cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), que são de grande importância no melhoramento da cana-de-açúcar, pode-se destacar, pelo menos, seis tratamentos que apresentam médias superiores à média geral. Estes são: SP82-6108 x SP87-365, SP82-6108 x SP88-754, SP82-6108 x SP88-819, SP81-1763 x SP82-6108, IAC86-2210 x SP88-754, SP88-819 x SP87-365.

Os resultados das análises de variância dialélica são apresentados no Quadro 5. Nesta análise, a soma de quadrados de tratamento é desdobrada em soma de quadrados da CGC e soma de quadrados da CEC.

O teste F foi estatisticamente significativo ($P < 0,05$) tanto para a CGC quanto para a CEC, evidenciando heterogeneidade dos efeitos das capacidades geral (\hat{g}_i) e específica de combinação (\hat{s}_{ij}), e mostrando a importância tanto dos efeitos gênicos aditivos como dos não aditivos na expressão dos caracteres. Ambos são tomados como fatores responsáveis pela variação genética em todas as características.

No Quadro 5, também evidencia-se a superioridade da variabilidade da CGC, expressa pelos componentes quadráticos, sobre a CEC para todos os caracteres. Em experimentos usando cruzamentos dialélicos, YANG e CHU (1962) e MILLER (1977) relataram que a capacidade específica de combinação foi maior que a capacidade geral de combinação, para produção de colmos e de açúcar por área. Entretanto, segundo HOGARTH (1977), esses resultados devem ser interpretados com cautela devido à possibilidade de ter ocorrido autofecundação e também em razão do pequeno número de genitores envolvidos no dialelo.

Quanto ao efeito gênico predominante, no Quadro 5 nota-se que o componente quadrático associado à CGC foi superior ao componente quadrático associado à CEC, para os caracteres número de colmos, Brix e porcentagem de colmos floridos. Esta situação evidencia a predominância da variação devido aos efeitos gênicos aditivos na expressão destas características. Os efeitos gênicos não-aditivos foram predominantes nos caracteres peso médio de colmos, toneladas de cana por hectare e toneladas de Brix por hectare. Tal fato é consequência dos maiores valores do componente quadrático associado à CEC, para estas variáveis.

Quadro 5 - Resumo das análises de variância do dialelo desbalanceado e estimativas dos componentes quadráticos associados aos efeitos da capacidade geral de combinação ($\hat{\phi}_g$) e específica de combinação ($\hat{\phi}_s$) para Número total de colmos (NC), Peso médio de colmos (PM10C), Brix médio (Brix), Tonelada de cana por hectare (TCH), Tonelada de brix por hectare (TBH) e Porcentagem de colmos floridos (%CF)

FV	GL	Quadrados Médios					
		NC	PMC	Brix	TCH	TBH	%CF
Tratamentos	27	3504,51**	8,58**	1,66**	1003,60**	51,64**	151,92**
CGC	7	5219,37**	21,58**	4,59**	1310,74**	77,02**	453,49**
CEC	20	2904,31**	4,03**	0,64**	896,10**	42,76**	46,37*
Resíduo	78	632,80	0,04	0,27	66,12	3,05	23,16
$\hat{\phi}_g$		162,75	0,76	0,15	44,16	2,62	15,27
$\hat{\phi}_s$		80,60	0,85	0,08	176,71	8,45	1,64

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

LYRENE (1977) verificou que os componentes de variância da CGC foram predominantes sobre os componentes de variância da CEC, para porcentagem de florescimento. Seus estudos revelaram que esta característica possui uma tendência para ser herdável, sendo mais freqüente entre os “seedling” provenientes de cruzamentos cujos genitores florescem com maior intensidade.

Quanto mais altas forem as estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, o genitor em questão é superior ou inferior aos demais incluídos no dialelo. Quanto mais próximas de zero forem estas estimativas, o comportamento médio do genitor, em cruzamento com os demais, não difere da média geral dos cruzamentos em questão (CRUZ e REGAZZI, 1997).

O genitor SP82-6108 apresentou valores elevados de \hat{g}_i para os caracteres peso médio de colmos, toneladas de cana por hectare e toneladas de Brix por hectare, e baixos valores de \hat{g}_i para o caráter número de colmos (Quadro 6). Tal fato implica na possível utilização deste genitor para formação

de uma população-base, em que as progênies mais produtivas com maior diâmetro de colmos (\hat{g}_i positivo e elevado para PMC) e menor perfilhamento (\hat{g}_i negativo e elevado para NC) possam ser selecionadas. Para essas inferências, admitiu-se correlação negativa entre NC e PMC, conforme KANG et al. (1983) e REDDY e REDDI (1986). O genitor IAC86-2210 também encontra-se na mesma situação do genitor SP82-6108, mas suas estimativas de \hat{g}_i mostraram-se bem menores e suas estimativas de \hat{g}_i para o caráter porcentagem de colmos floridos foi elevada, o que é indesejável na etapa de seleção de clones. O genitor IAC86-2210 obteve o maior valor de \hat{g}_i para o caráter Brix. As demais estimativas de \hat{g}_i para esta variável foram baixas ou negativas. É importante ressaltar que a formação de populações com maior diâmetro, concernentes aos genitores SP82-6108 e IAC2210, não pode ser confirmada com exatidão, pois, a variável altura de plantas não foi avaliada neste experimento. Sendo assim, o maior peso de colmos de suas progênies poderá ser uma consequência da maior altura de plantas, e não do maior diâmetro de plantas.

Quadro 6 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) do Número total de colmos (NC), Peso médio de 10 colmos (PM10C), Brix médio (Brix), Tonelada de cana por hectare (TCH), Tonelada de Brix por hectare (TBH) e Porcentagem de colmos floridos (%CF), conforme FILHO et al. (1992)

Genitores	Características					
	NC	PMC	Brix	TCH	TBH	%CF
IAC86-2210	-23,17	0,55	0,64	0,66	0,68	2,30
SP81-1763	1,53	-0,46	0,07	-4,84	-1,02	7,89
SP82-6108	-3,96	1,70	-0,09	13,54	2,92	-5,06
SP84-2029	11,50	-0,45	-0,15	-0,90	-0,35	-2,41
SP86-96	-1,87	-0,99	-0,72	-9,16	-2,68	0,17
SP88-754	1,33	-0,13	0,00	0,06	0,06	-0,80
SP88-819	28,58	-0,49	0,12	2,02	0,53	-2,23
SP87-365	-2,09	-0,19	0,16	-2,93	-0,45	-0,50

O genitor SP88-819 seria recomendado em cruzamentos cujo principal objetivo é elevar a produtividade através da maior produção de colmos por área, pois este apresentou alta estimativa de \hat{g}_i para número de colmos e toneladas de cana por hectare. Como a estimativa de \hat{g}_i para peso médio de colmos foi negativa, é possível que suas progênes possuem menor diâmetro de colmo.

Os genitores SP81-1763 e SP84-2029 apresentaram elevadas estimativas de \hat{g}_i para a variável número de colmos, e baixas estimativas para peso médio de colmos, contribuindo, assim, com genes favoráveis ao aumento do perfilhamento da cana-de-açúcar, produzindo progênes de menor diâmetro de colmos. Logo, estes genitores seriam recomendados para cruzamentos cujo principal objetivo seja aumentar a produção de colmos por área, não contribuindo em elevar a produtividade de açúcar, já que as estimativas de \hat{g}_i para a variável TBH foram negativas. Um inconveniente apresentado pelo genitor SP81-1763 refere-se à sua contribuição para elevar o florescimento das progênes. A estimativa dos efeitos aditivos, para esta característica, foi bastante elevada (7,89).

O comportamento médio dos genitores SP86-96 e SP87-365, em cruzamento com os demais, não diferiu da média geral dos cruzamentos em questão, o que é válido para todos os caracteres avaliados. Suas estimativas de \hat{g}_i foram baixas, e com exceção do caráter Brix para o genitor SP87-365 e do caráter porcentagem de colmos floridos para o genitor SP86-96, todas foram negativas.

O efeito da capacidade específica de combinação (CEC) é interpretado como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado, com base na capacidade geral de combinação (CGC) de seus genitores, portanto servindo para evidenciar a importância de interações não-aditivas, resultantes do acentuado grau de complementação gênica entre os genitores. Assim, altos valores positivos ou negativos de \hat{s}_{ij} demonstram que o comportamento de um cruzamento é, relativamente, melhor ou pior do que era esperado com base na CGC dos genitores. Normalmente, interessam ao melhorista as combinações híbridas com médias elevadas, estimativas da CEC mais favoráveis, que envolvam pelo menos um dos genitores que tenha apresentado o mais favorável efeito da CGC (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Com base nestas informações, e nas prioridades do melhoramento da cana-de-açúcar em obter clones mais produtivos e com maior produção de açúcar por hectare, identificou-se, no Quadro 7, que alguns cruzamentos poderiam ser úteis em suprir estas necessidades. Dentre estes destacam-se: SP82-6108 x SP87-365, SP82-6108 x SP88-754, SP81-1763 x SP82-6108, IAC86-2210 x SP88-754, SP88-819 x SP87-365, IAC86-2210 x SP86-96, IAC86-2210 x SP81-1763, SP84-2029 x SP88-819 e SP81-1763 x SP88-819.

Quadro 7 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}) do Número total de colmos (TC), Peso médio de 10 colmos (PM10C), Brix médio (Brix), Tonelada de cana por hectare (TCH), Tonelada de Brix por hectare (TBH) e Porcentagem de colmos floridos (%CF)

Cruzamentos	NC	PM10C	Brix	TCH	TBH	% CF
SP82-6108 x SP87-365	12,70	1,03	0,50	9,49	2,57	4,50
SP82-6108 x SP88-754	13,56	-0,18	-0,00	8,59	1,77	-0,88
SP82-6108 x SP88-819	-2,53	-0,05	0,22	0,08	0,46	1,31
SP81-1763 x SP82-6108	18,38	0,82	-0,15	8,96	1,91	-4,66
IAC86-2210 x SP88-754	26,63	0,92	-0,27	14,55	2,95	-1,03
SP88-819 x SP87-365	32,78	0,44	-0,22	14,52	2,81	-4,50
IAC86-2210 x SP86-96	20,05	1,14	0,04	20,16	4,37	0,12
IAC86-2210 x SP81-1763	12,38	0,71	-0,20	12,85	2,71	5,64
SP84-2029 x SP88-819	22,33	-0,89	0,34	6,08	1,77	0,65
SP84-2029 x SP87-365	14,00	0,66	-0,06	11,73	2,56	1,38
SP88-754 x SP87-365	16,66	0,68	0,25	7,51	1,94	0,61
IAC86-2210 x SP82-6108	-9,70	-1,06	0,30	-13,13	-2,50	-0,04
SP81-1763 x SP88-819	16,92	0,46	-0,14	7,42	1,47	-5,51
IAC86-2210 x SP84-2029	10,22	-0,18	-0,14	-0,21	-0,21	-3,03
SP84-2029 x SP86-96	29,32	0,83	0,22	12,79	2,95	1,34
SP82-6108 x SP86-96	-11,94	0,22	-0,51	-0,15	-0,65	-1,47
SP82-6108 x SP84-2029	-21,73	-0,82	-0,25	-13,81	-3,33	1,89
SP84-2029 x SP88-754	-39,60	0,36	0,22	-5,18	-0,91	-1,94
SP86-96 x SP88-819	0,33	0,81	-0,62	6,03	0,61	3,97
IAC86-2210 x SP88-819	-52,27	0,22	0,69	-18,88	-3,58	1,63
SP81-1763 x SP87-365	-4,65	-0,08	-0,53	-3,50	-1,39	1,21
SP88-754 x SP88-819	-17,54	-0,98	-0,26	-15,25	-3,54	2,44
IAC86-2210 x SP87-365	-23,42	-1,08	-0,05	-14,69	-3,35	-2,41
SP81-1763 x SP88-754	-15,89	-0,68	0,11	-9,78	-2,19	1,63
SP81-1763 x SP86-96	2,17	-0,81	0,65	-3,05	-0,05	0,48
SP81-1763 x SP84-2029	-23,17	-0,24	-0,06	-10,94	-2,41	-0,95
SP86-96 x SP88-754	-4,05	-0,09	0,06	-6,90	-1,27	-0,27
SP86-96 x SP87-365	-51,36	-2,25	-0,26	-31,58	-6,93	-4,26

Um fato que também merece destaque são as elevadas estimativas dos efeitos $\hat{\sigma}_{ij}$ para a variável número de colmos, e as baixas estimativas destes para a variável peso médio de colmos, concernentes a todos os nove cruzamentos citados acima. Tal situação poderia supostamente indicar que estes cruzamentos são altamente produtivos, mas não por produzirem plantas com maior diâmetro de colmos, mas, sim, pela produção de plantas com alto índice de perfilhamento.

Quanto às estimativas dos efeitos $\hat{\sigma}_{ij}$ para o caráter porcentagem de colmos floridos, dentre os nove cruzamentos que se destacaram em elevar a produtividade de cana (TCH) e açúcar (TBH), nota-se que os cruzamentos IAC86-2210 x SP81-1763, SP82-6108 x SP87-365 e SP84-2029 x SP86-96 apresentaram valores elevados e positivos para estas estimativas. Sendo assim, no caso específico destas famílias, há o inconveniente de suas progênies tenderem a apresentar indivíduos que florescem, o que certamente aumentará o descarte de materiais no momento da seleção.

Quanto ao efeito recíproco dos cruzamentos (Quadro 8), verifica-se que cinco das seis características avaliadas não apresentaram, em sua maioria, efeito recíproco significativo. Tal fato vem confirmar o que já era esperado, já que existe uma predominância de citoplasma da espécie *S. officinarum* nos clones em consequência da nobilização.

Para os caracteres número de colmos, Brix e porcentagem de colmos floridos, o número de cruzamentos recíprocos não significativos foi superior a 70% do total de cruzamentos avaliados. Esses valores foram 75%, 87,5% e 93,75%, respectivamente. Já as variáveis toneladas de cana por hectare e toneladas de Brix por hectare apresentaram comportamentos semelhantes para todos os tratamentos, e a porcentagem de cruzamentos recíprocos não significativos foi 56,25% que, de certa forma, ainda garante a ausência dos efeitos recíprocos para a maioria dos cruzamentos. Um valor bastante discrepante é notado para a variável peso médio de colmos. Esta mostrou que os efeitos recíprocos foram significativos para 87,5% dos cruzamentos.

Quadro 8 - Resumo das análises dos efeitos recíprocos em cana-de-açúcar para número de colmos (NC), peso médio de 10 colmos (PM10C), Brix, tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de Brix por hectare (TBH) e porcentagem de colmos floridos (%CF)

Cruzamentos	NC			PM10C			Brix			TCH			TBH			%CF		
	F1	Rec		F1	Rec		F1	Rec		F1	Rec		F1	Rec		F1	Rec	
IAC86-2210 x SP81-1763	239,73	246,16	ns	12,13	10,00	*	22,60	22,87	ns	107,19	101,49	ns	24,12	23,08	ns	25,13	26,48	ns
IAC86-2210 x SP82-6108	216,12	214,63	ns	12,37	10,73	*	23,11	23,05	ns	98,13	95,37	ns	22,56	22,09	ns	5,03	9,32	ns
IAC86-2210 x SP84-2029	247,79	253,73	ns	10,15	10,20	ns	22,67	22,49	ns	94,16	96,28	ns	21,29	21,41	ns	6,16	7,49	ns
IAC86-2210 x SP86-96	247,22	-		10,95	-		22,19	-		107,33	-		23,59	-		12,56	-	
IAC86-2210 x SP88-754	260,03	253,95	ns	12,17	11,03	*	22,61	22,59	ns	114,47	107,42	ns	25,72	24,13	ns	12,23	8,64	ns
IAC86-2210 x SP88-819	205,34	-		10,53	-		23,69	-		79,48	-		18,85	-		11,67	-	
IAC86-2210 x SP87-365	173,51	233,53	*	8,48	10,58	*	23,01	22,97	ns	58,68	98,75	*	13,58	22,64	*	9,94	8,78	ns
SP81-1763 x SP82-6108	270,80	265,52	ns	12,23	12,41	ns	21,89	22,21	ns	113,95	112,73	ns	25,16	24,89	ns	6,11	10,17	ns
SP81-1763 x SP84-2029	256,97	227,16	ns	9,34	8,87	*	21,99	22,17	ns	87,69	70,29	*	19,25	15,62	*	14,00	14,99	ns
SP81-1763 x SP86-96	224,85	283,22	*	7,41	8,57	*	22,01	22,44	ns	63,36	93,89	*	14,06	20,87	*	16,22	20,81	ns
SP81-1763 x SP88-754	252,91	225,43	ns	9,89	8,09	*	22,32	22,49	ns	89,21	73,03	*	9,77	16,36	*	18,34	19,05	ns
SP81-1763 x SP88-819	299,23	-		9,76	-		22,28	-		100,28	-		2,19	-		10,12	-	
SP81-1763 x SP87-365	246,99	-		9,53	-		21,93	-		84,40	-		18,36	-		18,56	-	
SP82-6108 x SP84-2029	238,02	238,01	ns	10,29	11,07	*	22,50	20,97	*	94,23	94,79	ns	21,25	19,69	ns	5,48	3,36	ns
SP82-6108 x SP86-96	242,19	226,67	ns	12,30	10,07	*	20,75	21,06	ns	111,36	88,46	*	23,04	18,58	*	4,54	2,69	ns
SP82-6108 x SP88-754	265,65	260,63	ns	11,97	11,33	*	21,82	22,46	ns	114,98	120,76	ns	24,97	26,98	ns	0,86	5,65	ns
SP82-6108 x SP88-819	274,29	-		11,41	-		22,48	-		111,32	-		25,13	-		3,99	-	
SP82-6108 x SP87-365	282,54	235,18	*	13,28	12,32	*	22,99	22,61	ns	125,91	105,65	*	28,71	23,85	*	8,87	8,96	ns
SP84-2029 x SP86-96	297,92	284,38	ns	9,46	9,83	*	21,56	21,59	ns	99,26	97,55	ns	21,30	20,99	ns	8,09	10,07	ns
SP84-2029 x SP88-754	259,94	-		10,04	-		22,30	-		89,65	-		20,02	-		4,81	-	
SP84-2029 x SP88-819	314,62	-		8,42	-		22,55	-		102,87	-		23,18	-		5,98	-	
SP84-2029 x SP87-365	278,33	272,89	ns	9,45	11,09	*	22,56	21,80	ns	97,55	109,59	ns	22,07	23,91	ns	14,33	2,55	*
SP86-96 x SP88-754	219,73	275,48	*	7,76	10,32	*	21,12	22,02	*	67,46	91,89	*	14,28	20,37	*	7,98	10,15	ns
SP86-96 x SP88-819	279,24	-		9,58	-		21,01	-		94,57	-		19,67	-		11,89	-	
SP86-96 x SP87-365	196,88	-		6,82	-		21,41	-		52,01	-		11,16	-		5,38	-	
SP88-754 x SP88-819	264,57	-		8,65	-		22,09	-		82,50	-		18,20	-		9,38	-	
SP88-754 x SP87-365	268,10	-		10,62	-		22,65	-		100,31	-		22,78	-		9,27	-	
SP87-365 x SP88-819	-	311,47		-	10,01		-	22,29		-	109,28		-	24,12		-	2,74	

* significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, ns-não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

Os cruzamentos IAC86-2210 x SP84-2029 e SP81-1763 x SP82-6108 tiveram efeito recíproco não significativo para todas as variáveis analisadas. De todos os 16 cruzamentos avaliados, apenas quatro (IAC86-2210 x SP87-365, SP81-1763 x SP86-96, SP82-6108 x SP87-365, SP86-96 x SP88-754) tiveram mais de 50% das variáveis com efeito recíproco significativo, enquanto os demais apresentaram valores não significativos para a maioria das variáveis.

HOGARTH (1980), utilizando a metodologia para análise de variância dialélica proposta por Cockerman (1963), verificou significância dos quadrados médios para os cruzamentos recíprocos concernentes às variáveis toneladas de cana e Brix por hectare. HOGARTH (1980), também, verificou que a contaminação dos cruzamentos dialélicos pela autofecundação tem contribuído para proporcionar resultados equivocados quanto à existência de efeito recíproco. Seu trabalho baseou-se na metodologia desenvolvida por DUDLEY (1963).

5. RESUMO E CONCLUSÕES

A análise da capacidade combinatória de genitores avaliados em dialelo, em cana-de-açúcar, é uma ferramenta importante nas etapas iniciais dos programas de melhoramento. Permite ao melhorista estabelecer, de forma mais racional, os cruzamentos que formarão a população-base para seleção de genótipos superiores. Assim, as chances de se selecionar genótipos superiores, que se transformarão em variedades bem sucedidas futuramente, são bem maiores. Outra grande vantagem atribuída a esta metodologia é a possibilidade de descarte de materiais indesejáveis, nas fases iniciais do programa, reduzindo custos, espaço e tempo.

O presente trabalho identificou alguns genótipos capazes de elevar a produtividade de cana e açúcar da população-base, e a superioridade de algumas combinações híbridas para estes caracteres, evidenciando acentuado grau de complementação gênica entre alguns genitores. Também mostrou que os efeitos gênicos aditivos foram predominantes na expressão dos caracteres número de colmos (NC), BRIX e porcentagem de colmos floridos (%CF). Para os caracteres peso médio de colmos (PMC), toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de açúcar por hectare (TBH), os efeitos gênicos não-aditivos foram mais importantes.

Verifica-se que cinco (NC, BRIX, TCH, TBH e %CF) das seis características avaliadas apresentaram, em sua maioria, efeito recíproco não significativo. A exceção ficou por conta da variável peso médio de colmos

(PMC), que apresentou efeito recíproco significativo para 87,5% dos cruzamentos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAENZIGER, P.S., PETERSON, C.J. Genetic variation: its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T., MURPHY, J.P. (Eds.). **Plant breeding in the 1990s**. Wallingford: CAB International, 1992. p. 69-100.
- BARBOSA, M.H.P. Divergência genética entre cultivares de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DA STAB, 7, 1999, Londrina. **Anais...** Londrina: STAB, 2000. p. 70-72.
- BARBOSA, M.H.P., SILVEIRA, L.C.I. Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **STAB, Açúcar, Álcool e Subprodutos**, v. 18, n. 3, p. 30-32, 2000a.
- BARBOSA, M.H.P., SILVEIRA, L.C.I. Size plot in sugarcane family selection experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 2000b. (No prelo).
- BARBOSA, M.H.P., SILVEIRA, L.C.I. Perspectivas para o melhoramento de cana-de-açúcar. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2000, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2000c. p. 1-17.
- BERDING, N., ROACH, B.T. Germplasm collection, maintenance and use. In: HEINZ, D. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier: 1987. cap. 4, p. 143-210.
- BRIDGES, W.C. Analysis of plant breeding experiment with heterogeneous variances using mixed model equations. In: _____. **Applications of mixed models in agriculture and related disciplines**. Baton Rouge: Louisiana Agricultural Experiment Station, 1989. p. 145-154. (Southern Cooperative Series Bulletin, 343).

- BROWN, J., CALIGARI, P.D.S., DALE, M.F.B., SWAN, G.E.L., MACKAY, G.R. The use of cross prediction methods in a practical potato breeding program. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 76, p. 33-38, 1988.
- BROWN, J., CALIGARI, P.D.S. Cross prediction in a potato breeding program by evaluation of parental material. **Theoretical and Applied Genetics**, Viena, v. 77, p. 246-252, 1989.
- BULL, J.K., HOGARTH, D.M., BASFORD, K.E. Impact of genotype x environment interaction on response to selection sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 32, p. 731-737, 1992.
- BURNER, D.M., LEGENDRE, B.L. Chromosome transmission and meiotic stability of sugarcane (*Saccharum* spp.) hybrid derivatives. **Crop Science**, v. 33, p. 601-606, 1993.
- CALIGARI, P.D.S., BROWN, J. The use of univariate cross prediction methods in the breeding of a clonally reproduced crop (*Solanum tuberosum* L.). **Heredity**, v. 57, p. 395-401, 1986.
- CHANG, Y.S., MILLIGAN, S.B. Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 84, p. 662-671, 1992.
- COPERSUCAR. **Relatório anual de atividades 1999/2000**. 2000.
- COX, M.C., HOGARTH, D.M. Progress and changes in the South Queensland variety selection program. **Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists**, p. 251-255, 1993.
- COX, M.C., McRAE, T.A., BULL, J.K., HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program sugarcane: research towards efficient and sustainable production. In: WILSON, J.R., HOGARTH, D.M., CAMPBELL, J.A., GARSIDE, A.L. (Eds.). **CSIRO Division of Tropical Crops and Pastures**. Brisbane, 1996. p. 42-43.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes, aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 1997. 442 p.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390 p.
- DANIELS, J., ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 7-84.
- DANIELS, J., SMITH, P., PATON, N.H., WILLIAMS, C.A. The origin of the genus *Saccharum* sugarcane breeder's. **Newsletter**, Reduit, v. 36, p. 24-39, 1975.

- DUDLEY, J.W. Effects of accidental selfing on estimates of general and specific combining ability in alfalfa. **Crop Science**, v. 3, p. 517-519, 1963.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.
- FILHO, S.M., CRUZ, C.D., SEDIYAMA, C.S. Analysis of unbalanced diallel crosses. **Rev. Brasil. Genet.**, v. 15, n. 4, p. 853-869, 1992.
- GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: ESALQ, 1985. 466 p.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biological Science**, East Melbourn, v. 9, p. 463-493, 1956.
- HEINZ, D.J., TEW, T.L. Hybridization procedures. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 313-342.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction in populations that have undergone selection. In: BARTON, R.A., SMITH, W.C. (Eds.). **Proc World Congress Sheep Beef Cattle Breed**. Palmerston North, NZ, Massey University, 1982. v. 1.
- HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlations and predicted responses to selection. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 22, p. 103-109, 1971.
- HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 28, p. 257-268, 1977.
- HOGARTH, D.M. The effect of accidental selfing on the analysis of a diallel cross with sugarcane. **Euphytica**, v. 29, p. 737-746, 1980.
- HOGARTH, D.M. Genetic of sugarcane. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier: Amsterdam, 1987. p. 255-271.
- HOGARTH, D.M., WU, K.K., HEINZ, D.J. Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross design. **Crop Science**, v. 21, p. 21-251, 1981.
- HOGARTH, D.M., COX, M.C., BULL, J.K. Sugarcane improvement: past achievements and future prospects. **Crop Improvement for the 21st Century**, p. 29-55, 1997.

- JACKSON, P., McRAE, T., HOGARTH, M. Selection of sugarcane families across variable environmental. II - Patterns of response and association with environmental factors. **Field Crops Research**, v. 43, p. 119-130, 1995a.
- JACKSON, P.A., BULL, J.K., McRAE, T.A. The role of family selection in sugarcane breeding programs and the effect of genotype x environment interactions. **Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists**, v. 22, n. 2, p. 261-270, 1995b.
- JACKSON, P., McRAE, T., MORGAN, T., ELLIOTT, S. F1 optimal plot size, replication and selection criteria in early selection stages. In: ISSCT BREEDING AND GERMPLASM WORKSHOP, 4, 1998. **Abstract...** (<http://www.sugarnet.com.issct/f1.htm>).
- JAMES, N.I. Sugarcane. In: FEHR, W.R., HADLEY, H.H. (Eds.). **Hybridization of crop plants**. Madison, Wisconsin: American Society of Agronomy and Crop Science, 1980. 765 p.
- KANG, M.S., MILLER, J.D., TAI, P.Y.P. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science**, v. 22, p. 643-647, 1983.
- KNAPP, S.J., STROUP, W.W., ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, v. 25, p. 1-2, 1985.
- LEVI, C.A. Floración de caña de azúcar. Determinación de los requerimientos fotoperiódicos. **Rev. Ind. y Agrícola de Tucumán**, v. 58, p. 35-48, 1981.
- LEVI, C.A. Floración de caña de azúcar. Determinación de requerimientos inductivos. **Rev. Ind. y Agrícola de Tucumán**, v. 60, n. 1, p. 1-15, 1983.
- LEVI, C.A. La floración de la caña de azúcar en Tucumán. **Rev. Ind. y Agrícola de Tucumán**, v. 69, n. 1-2, p. 175-178, 1992.
- LYRENE, P.M. Heritability of flowering in sugarcane. **Crop Science**, v. 17, p. 462-464, 1977.
- MACHADO JR., G.R., WALKER, D.I., BRESSIANI, J.A., SILVA, J.A.G. Utilização de água quente para emasculação de flechas de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). **STAB**, v. 13, n. 6, 1995.
- MANGELSDORF, A. J. Cytoplasmic diversity in relation to pests and pathogens. **Sugarcane Breeder's Newsletter**, Reduit, v. 45, p. 45-9, 1983.
- MARIOTTI, J.A., CUENYA, M.I. Efectos familiares y su implicancia en la eficiencia de la selección en caña de azúcar. **Rev. Ind. y Agrícola de Tucumán**, v. 69, n. 1-2, p. 35-51, 1992.
- MARIOTTI, J.A., SCANDALIARIS, J., AHMED, M.A., CUENYA, M.I. Análisis del comportamiento familiar en progenies híbridas de caña de azúcar. **Rev. Ind. y Agrícola de Tucumán**, v. 58, n. 2, p. 1-14, 1981.

- MATSUOKA, S., GARCIA, A.A.F., ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999a. 817 p.
- MATSUOKA, S., GARCIA, A.A.F., ARIZONO, H., CALHEIROS, G.G. Hibridação em cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999b. 546 p.
- McRAE, T.A., HOGARTH, D.M., FOREMAN, J.W., BRAIHWAITE, M.J. Selection of sugarcane seedling families in the Burdekin district. In: IMRE, B.C., HACKER, J.B. (Eds.). Focused plant improvement: towards responsible and sustainable agriculture. **Proc. Tenth Aust. Plant Breeding Conf.**, Gold Coast, Australia, v. 1, 1993.
- MILLER, J.P. Combining ability and yield component analyses in a five-parent diallel cross in sugarcane. **Crop Science**, v. 17, p. 545-547, 1977.
- MING, R., LIU, S.C., LIN, Y.R., SILVA, J.D.A., WILSON, W., BRAGA, D., DEYNZE, A.V., WENSLAFF, T.F., WU, K.K., MOORE, P.H., BURNQUIST, W., SORRELLES, M.E., IRVINE, J.E., PATERSON, A.H. Detailed alignment of *Saccharum* and *Sorghum* chromosomes: comparative organization of closely related diploid and polyploid genomes. **Genetics**, v. 150, p. 1663-1682, 1998.
- MUKERJEE, S.K. Origin and distribution of *Saccharum*. **Bot. Goz.**, v. 119, p. 55-61, 1957.
- PIRES, C.E.L.S. **Diversidade genética de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* ssp) cultivadas no Brasil**. Piracicaba: ESALQ, 1993. 120 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1993.
- RAO, N.P., ETHIRAJAN, A.S. Combining ability and evaluation of parents in 6x6 diallel cross of sugarcane (*Saccharum*). **Maharashtra Sugar**, v. 8, p. 12-20, 1983.
- REDDY, C.R., REDDI, M.V. Degree of genetic determination, correlation and genotypic and phenotypic path analysis of cane and sugar yield in sugarcane. **Indian Journal of Genetics**, v. 46, n. 3, p. 550-557, 1986.
- ROACH, B.T., DANIELS, J. A review of the origin and improvement of sugarcane. In: COOPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP, 1987, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: COPERSUCAR, 1987. p. 1-31.
- SCOTT, A.J., KNOTT, M.A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.
- SCREENIVASAN, B.S., AHLOOWALIA, B.S., HEINZ, D.J. Cytogetics. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier: 1987. p. 211-254.

- SILVA, J.A.G. **A methodology for genome mapping of autopolyploids and its application to sugarcane (*Saccharum spp.*)**. Cornell University: 1993. 108 p.
- SIMMONDS, N.W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, v. 90, p. 201-208, 1996.
- SKINNER, J.C., HOGARTH, D.M., WU, K.K. Selection methods, criteria, and indices. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 409-453.
- SPRAGUE, G.F., TATUM, L.A. General versus specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.
- STRINGER, J.K., MCRAE, T.A., COX, M.C. Best linear unbiased prediction as a method of estimating breeding value in sugarcane. In: WILSON, J.R., HOGARTH, D.M., CAMPBELL, J.A., GARSIDE, A.L. (Eds.). **Sugarcane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane: CSIRO Division of Tropical Crops and Pasture, 1996. p. 39-41.
- VENCOVSKY, R. **Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades**. Piracicaba: ESALQ, 1970. 59 p. Tese (Livre docência) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1970.
- WALKER, D.I.T. Trends in sugarcane breeding. In: ABBOTT, A.J., ATKIN, R.K. (Eds.). **Improving vegetatively propagated crops**. Bristol: Academic Press, 1987. p. 3-26.
- YANG, T.C., CHU, C.S. Evaluation of combining ability in sugarcane (part I). **Report of Taiwan Sugar Exp. Stn.**, n. 26, 1962.