

ROGÉRIO DONIZETI DE CASTRO

**EFICIÊNCIA DO MÉTODO BLUPIS NO MELHORAMENTO DA
CANA-DE-AÇÚCAR**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte da exigência do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para a obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS-BRASIL
2012

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

C355e
2012

Castro, Rogério Donizeti de, 1973-
Eficiência do método BLUPIS no melhoramento da
cana-de-açúcar / Rogério Donizeti de Castro. – Viçosa, MG,
2012.
vii, 35f. : il. ; 29cm.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético.
2. Cana-de-açúcar - Seleção.
3. Modelos lineares (estatística).
4. BLUP. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 633.612

ROGÉRIO DONIZETI DE CASTRO

**EFICIÊNCIA DO MÉTODO BLUPIS NO MELHORAMENTO DA
CANA-DE-AÇÚCAR**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte da exigência do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, para a obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 15 de março de 2012.



Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)



Pedro Crescêncio Souza Carneiro



Felipe Lopes da Silva



Volmir Kist



Luiz Alexandre Peternelli
(Orientador)

Dedico este trabalho aos meus pais Onofre e Maria Amélia e a minha esposa Keila, pelo carinho e dedicação durante nossa jornada.

“A nossa maior glória não reside no fato de nunca cairmos, mas sim em levantarmo-nos sempre depois de cada queda”

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pelo dom da vida e a Nossa Senhora Aparecida, por me amparar nas horas difíceis.

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realizar esse curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e tecnológico (CNPq), pelo apoio financeiro.

A minha esposa Keila, pelo amor, dedicação e compreensão durante nosso convívio enfrentando ao meu lado as dificuldades imposta pela vida.

Aos meus pais, Onofre e Maria e aos meus irmãos, Rosa e Roberto, pelo apoio e incentivo durante minha vida.

Ao meu sogro, José Laet, minha sogra Helena, minhas cunhadas e cunhados, pelo convívio e apoio.

Aos demais familiares por terem contribuído diretamente ou indiretamente na minha formação pessoal.

Ao amigo, Luiz Alexandre Peternelli, pela orientação, apoio e amizade durante a realização deste curso.

Aos professores; Márcio Barbosa e Marcos Deon, pelas orientações no desenvolvimento deste trabalho.

Ao Centro Universitário de Várzea Grande (UNIVAG), pelo apoio na realização do curso.

Aos amigos Anderson, Luiz Duarte, Rosângela e Dani, pela amizade e incentivo durante o curso.

Aos funcionários da CECA, pela ajuda na condução do ensaio e pela amizade.

Aos amigos Vinicius, Batata, Leo e Melissa, pela amizade e convívio durante o curso.

Enfim, a todos que diretamente e indiretamente ajudaram na realização deste trabalho, meu sincero obrigado.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	v
RESUMO	vi
ABSTRAT	vii
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
ARTIGO CIENTÍFICO 1	3
RESUMO	4
ABSTRAT	5
1. INTRODUÇÃO.....	6
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	8
2.1. Detalhes experimentais	8
2.2. Procedimentos de análise dos dados	9
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	11
4. CONCLUSÕES.....	15
5. AGRADECIMENTOS.....	15
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	16
ARTIGO CIENTÍFICO 2.....	19
RESUMO	20
ABSTRAT	21
1. INTRODUÇÃO.....	22
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	23
2.1. Detalhes do Experimento.....	23
2.2. Procedimentos de análise dos dados	24
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
4. CONCLUSÕES.....	30
5. AGRADECIMENTOS.....	31
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	32
CONCLUSÕES GERAIS	34
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS GERAIS	35

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para a característica tonelada de colmos por hectare (TCH), de 110 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar. Oratórios, 2008.....	11
Tabela 2. Estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos para a característica avaliada no nível de planta Tonelada de Colmos por Hectare (TCH), de 110 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar. Oratórios, 2009.....	13
Tabela 3. Valores dos efeitos genotípicos (\hat{g}_j) ordenados das famílias, do número de indivíduos a serem selecionados pela metodologia BLUPIS modificado em 2008 (nBLUPIS) e número de indivíduos selecionados pelo valor genotípico individual, segundo o método BLUPI (nBLUPI), para a característica tonelada de colmos por hectare (TCH), considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) igual a 40. Oratórios, 2008 e 2009.....	14
Tabela 4. Estimativas de parametros fenotipicos e genotipicos em familias de irmãos compeltos de cana-de-açúcar para as características Brix, diâmetro, altura, número de colmos na parcela, TCH e TBH avaliados na CECA/UFV.....	27
Tabela 5. Valores genotípicos preditos para cada colheita (m+g+c) e para ambas as colheitas (m+g+cm) das famílias de irmãos completas para a característica TBH.....	29

RESUMO

CASTRO, Rogério Donizeti de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2012. **Eficiência do método blupis no melhoramento da cana-de-açúcar.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli. Coorientadores: Márcio Henrique Pereira Barbosa e Marcos Deon Vilela de Resende.

O objetivo com este trabalho foi avaliar a eficiência do procedimento BLUPIS modificado para seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar em comparação ao procedimento BLUPI e determinar os coeficientes de repetibilidade entre colheitas medidas em famílias de irmãos completos para características agroindustriais em cana-de-açúcar no início das etapas de seleção. Foram utilizadas 110 famílias de irmãos completos alocadas num experimento instalado no delineamento em blocos casualizados com cinco repetições. Os dados de cana planta foram coletados em junho 2008 e os de cana soca em junho de 2009. As seguintes características foram determinadas a partir da cana planta e primeira soqueira: porcentagem de sólidos solúveis no caldo (Brix), diâmetro, altura, número de colmo, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH). Os componentes de variâncias foram estimados por máxima verossimilhança restrita (REML). Os valores genotípicos das famílias e de cada indivíduo dentro de família foram obtido via BLUP. Houve variabilidade genética e possibilidade de seleção para TCH. O experimento apresentou alta precisão com acurácia seletiva de 0,90 e herdabilidade da média de família no sentido amplo de 0,82. Foram selecionadas 29 famílias o que representa 27% das famílias avaliadas. O procedimento BLUPIS modificado apresentou correlação de 0,98 com o BLUPI. As estimativas de repetibilidade para as características número de colmos, TCH e TBH foram de 0,70, 0,67 e 0,66 respectivamente. Os valores de correlação genotípica das famílias foram de 0,70, 0,67 e 0,66 para diâmetro, altura e número de colmos de parcela, TCH e TBH respectivamente. Houve coincidência de 68% entre as famílias presentes em cana planta e primeira soqueira e de 91% entre as famílias de cana planta e cana planta + primeira soqueira. As famílias selecionadas para TBH apresentaram valores genotípicos aproximadamente 30, 28 e 27% maior que a média geral para cana planta, cana planta + primeira soqueira e primeira soqueira respectivamente.

ABSTRACT

CASTRO, Rogério Donizeti de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2012. **Efficiency BLUPIS method in improving sugarcane.** Adviser: Luiz Alexandre Peternelli. Co-Advisers: Márcio Henrique Pereira Barbosa and Marcos Deon Vilela de Resende.

The objective of this work was to evaluate the efficiency of the BLUPIS procedure modified for the selection between and among sugarcane families in comparison to the BLUPI procedure, and to determine the repeatability between harvests measured in full sibs families for sugarcane agro industrial characteristics at the beginning of the selection stages. One hundred and ten full sibling families were allocated in an experiment installed in completely randomized blocks design with five replicates. The data of the cane plant were collected in June 2008 and of the sugarcane ratoon in June 2009. The following characteristics were determined from the cane plant and first ratoon: percentage of soluble solids in the juice (Brix), diameter, height, number of stalks, tons of sugarcane per hectare (TSH) and tons of Brix per hectare (TBH). The variance components were estimated by restricted maximum likelihood (REML). The genotypic values of the families and of each individual inside a family were obtained via BLUP. Genetic variability and TSH selection possibility was found. The experiment presented high precision, with selective accuracy of 0.90 and heritability of the family mean in the broad sense of 0.82. Twenty-nine families, which represent 27% of the evaluated families, were selected. The modified BLUPIS procedure presented correlation of 0.98 with BLUPI. The repeatability estimates for the characteristics number of stalks, TSH and TBH were 0.70, 0.67 and 0.66, respectively. The families' genotypic correlation values were 0.70, 0.67 and 0.66 for diameter, height and number of stalks of parcels, TSH and TBH respectively. The coincidence of 68% was found between the families present in cane plant and first ratoon, and of 91% between the families of cane plant and cane plant + first ratoon. The families selected for TBH presented genotypic values approximately 30, 28 and 27% larger than the general mean for each cane plant, cane plant + first ratoon and first ratoon, respectively.

INTRODUÇÃO GERAL

Os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar têm buscado novos genótipos com elevado potencial em produtividade de açúcar, visando atender, em parte, a demanda de produção de açúcar e etanol. A seleção de genótipos para essa característica nas primeiras fases de seleção pode contribuir para a identificação de um número maior de genótipo com maior produtividade de açúcar.

A seleção de famílias consiste em escolher as famílias que apresentam valores genotípicos altos. O potencial de famílias com valores genotípicos superiores, quando comparados com famílias de valores inferiores, evidencia que a seleção com base nas melhores famílias é efetiva para identificar quais famílias teriam maior proporção de clones elites (Kimbeng et al., 2001).

A seleção de famílias, tendo o objetivo a seleção de clones superiores em famílias superiores é possível, pois a probabilidade de se encontrar clones elites em fases avançadas de seleção do programa de melhoramento tenderá a ser maior com estas famílias melhoradas (Kimbeng e Cox, 2003). Entretanto, explorar comercialmente um clone tem mais importância que uma população geneticamente melhorada. Porém, ainda é importante considerar que nesta população melhorada, a frequência de clones elites tende a ser maior (Jackson e Mcrae, 1998).

A seleção de famílias de cana-de-açúcar na fase inicial do melhoramento, normalmente é realizada considerando informações totais das parcelas, pois as mesmas são colhidas totalmente, não considerando os indivíduos da família dentro de cada parcela. Para auxiliar na seleção de indivíduos dentro da parcela, a partir da informação total da parcela, Resende & Barbosa (2006) propuseram a seleção via BLUP individual simulado (BLUPIS), que se baseia nos efeitos genotípicos das famílias avaliadas a campo.

Para que possa selecionar famílias em cana planta e indivíduos dentro de famílias na primeira soqueira é necessário que as características estudadas apresentem alto coeficiente de repetibilidade temporal, possibilitando que a seleção realizada em uma colheita se repita em colheitas posteriores.

O objetivo com este trabalho é avaliar a eficiência do procedimento BLUPIS modificado para seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar

em comparação ao procedimento BLUPI e determinar os coeficientes de repetibilidade entre colheitas medidas em famílias de irmão completo para características agroindustriais em cana-de-açúcar no início das etapas de seleção.

ARTIGO CIENTÍFICO 1

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS
COMPLETOS DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA MÉTODO BLUPIS
MODIFICADO

VIÇOSA
MINAS GERAIS- BRASIL
2012

RESUMO

CASTRO, Rogério Donizeti de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2012. **Seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar via método blupis modificado.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli. Coorientadores: Márcio Henrique Pereira Barbosa e Marcos Deon Vilela de Resende.

O objetivo com este trabalho foi avaliar a eficiência do procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual simulado modificado (BLUPIS) para seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar em comparação ao procedimento BLUP individual (BLUPI). Foram utilizadas 110 famílias de irmãos completos alocadas num experimento instalado no ano de 2007 no delineamento em blocos casualizados com cinco repetições. Cada parcela foi constituída por 20 plantas. Os dados de cana planta foram coletados em junho 2008 e os de cana soca em junho de 2009. No ano de 2008 determinou a massa total das parcelas pesando todos os colmos da parcela, utilizando a área da parcela determinou a tonelada de cana por hectare (TCH). Os componentes de variâncias foram estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) Os valores genotípicos das famílias e de cada indivíduo dentro de família foram obtido via BLUP. Houve variabilidade genética e possibilidade de seleção para TCH. O experimento apresentou alta precisão com acurácia seletiva de 0,90 e herdabilidade da média de família no sentido amplo de 0,82, favorecendo a seleção de famílias promissoras. Foram selecionadas 29 famílias o que representa 27% das famílias avaliadas. O procedimento BLUPIS modificado apresentou correlação de 0,98 com o BLUPI demonstrando a eficiência do BLUPIS modificado na seleção de famílias de cana-de-açúcar na fase inicial dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

Termos de indexação: melhoramento de cana-de-açúcar, modelos mistos, BLUP, seleção de famílias.

ABSTRACT

CASTRO, Rogério Donizeti de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March; 2012. **Selection between and among sugarcane families via modified BLUPIS method.** Adviser: Luiz Alexandre Peternelli. Co-Advisers: Márcio Henrique Pereira Barbosa and Marcos Deon Vilela de Resende.

The objective of this work was to evaluate the efficiency of the modified BLUP (best linear unbiased prediction) individual simulated procedure (BLUPIS) for selection between and among sugarcane families in comparison to individual BLUP (BLUPI). One hundred and ten full sibs families were allocated in an experiment installed in 2007 in a completely randomized block design with five replicates. Each parcel constituted of 20 plants. The cane plant data were collected in June 2008 and the cane ratoon data in June 2009. In 2008, the total mass of the parcels was determined by weighing all the stalks of the parcel. Using the parcel area, the ton of sugarcane per hectare (TSH) was determined. The variance components were estimated by restricted maximum likelihood (REML). The genotypic values of the families and of each individual inside a family were obtained via BLUP. Genetic variability and TSH selection possibility were found. The experiment presented high precision with selective accuracy of 0.90 and heritability of the family mean in broad sense of 0.82, favoring the selection of promising families. Twenty-nine families, which represent 27% of the evaluated families, were selected. The modified BLUPIS procedure presented correlation of 0.98 with the BLUPI, demonstrating the efficiency of the modified BLUPIS in the selection of sugarcane families in the initial phase of sugarcane improvement programs.

Indexing terms: sugarcane improvement, mixed models, BLUP, selection of families.

1. INTRODUÇÃO

Na safra de 2011/2012, a cultura da cana-de-açúcar ocupou uma área de aproximadamente 8,3 milhões hectares, com produção estimada superior a 571 milhões de toneladas de cana (Conab 2011). Para a produção de açúcar foram destinadas aproximadamente 283,9 milhões de toneladas, gerando uma produção de aproximadamente 37 milhões de toneladas de açúcar. Para a produção de etanol foram destinadas 287,6 milhões de toneladas de cana gerando aproximadamente 23 bilhões de litros de etanol.

Visando o aumento produtivo de açúcar e etanol, torna-se extremamente necessário não somente aprimorar as práticas fitotécnicas, mas principalmente o desenvolvimento de novas variedades mais produtivas. A variedade de cana pode ser considerada o componente da produção que possibilita maior retorno financeiro ao produtor.

No melhoramento de cana-de-açúcar, o processo de desenvolvimento de novas variedades envolve o que se convencionaram denominar de fases T1, T2, T3 e FE, isto é, primeira, segunda e terceira fase de teste e fase experimental, respectivamente (Peternelli & Barbosa, 2004, Barbosa e Silveira, 2012). Posteriormente ocorre a fase de multiplicação clonal nas usinas e destilarias conveniadas ao programa de melhoramento.

Uma das etapas mais importantes no melhoramento da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) corresponde à fase inicial (T1). Nesta fase são produzidos milhares de indivíduos heterozigotos, provenientes de hibridações entre genitores previamente selecionados (Cesnik & Miocque, 2004).

A seleção massal de clones no estágio inicial dos programas de melhoramento para a produção de colmos é, em geral, ineficiente devido à baixa herdabilidade dos caracteres de seleção (Skinner, 1982).

A estratégia de seleção de famílias pode ser adotada quando os caracteres sob seleção são de baixa herdabilidade, pois nestes casos os maiores desvios são decorrentes dos efeitos ambientais, sendo que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tende a se anular e, com isso, a média fenotípica da família será mais próxima da média genotípica. Nesta seleção, as informações individuais irão determinar as médias das famílias.

Alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar, no mundo, têm praticado rotineiramente seleção de famílias antes da obtenção dos clones

(Cox et al, 1996; Bressiani, 2001; Kimbeng& Cox, 2003), sobretudo para caracteres cuja herdabilidade baseada nas médias de famílias tem sido superior à herdabilidade de plantas individuais, tais como a produção de colmos. A seleção quando praticada em famílias com elevados valores genotípicos pode possibilitar maior probabilidade de encontrar clones superiores em suas respectivas progênes (Barbosa et al., 2005; Resende& Barbosa, 2005).

Resende (2002) mostra que a estratégia de seleção ótima em cana de açúcar seria através da predição de valores genotípicos usando o BLUP (Best Linear Unbiased Predictor) individual (BLUPI). Este procedimento usaria, simultaneamente, a informação de família e de indivíduos dentro das famílias para a seleção. No entanto, esse método dificilmente é usado nesses programas de melhoramento devido a problemas operacionais relacionados à obtenção dos dados no nível de planta.

Em cana-de-açúcar a seleção de famílias na fase inicial do melhoramento, normalmente é realizada considerando informações totais das parcelas, pois as mesmas são colhidas totalmente, não considerando os indivíduos da família dentro de cada parcela. Para auxiliar na seleção de indivíduos dentro da parcela, a partir da informação total da parcela, Resende & Barbosa (2006) propuseram a seleção via BLUP individual simulado (BLUPIS), que se baseia nos efeitos genotípicos das famílias avaliadas a campo.

A vantagem desse método é que ele não requer a avaliação individual de plantas no experimento. Além disso, este método indica o número de indivíduos a ser selecionado por família, o número total de clones para ganho com seleção, e o número de famílias envolvidas com os indivíduos selecionados, otimizando a seleção (Resende& Barbosa, 2006).

O método BLUPIS elimina automaticamente as famílias com efeito genotípico negativo, ou seja, aquelas abaixo da média geral do experimento. Isto é razoável quando se considera a baixíssima probabilidade de se obter um clone superior nestas famílias (Resende& Barbosa, 2005).

Segundo Stringer et al. (2010), o programa de melhoramento de cana da Austrália testa, por ano, em torno de 1200 famílias. Acredita-se que quanto maior o número de famílias em teste, maior a probabilidade de se encontrar clones promissores. Para aumentar o número de famílias testadas em um

programa de melhoramento de cana-de-açúcar é necessário que o método de seleção em cana planta seja eficiente e de fácil aplicação. O BLUPIS seria uma alternativa para a avaliação de um grande número de famílias em cana planta.

O objetivo com este trabalho é avaliar a eficiência do procedimento BLUPIS modificado para seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar em comparação ao procedimento BLUPI.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Detalhes experimentais

Neste estudo foram utilizadas sementes de 110 famílias de irmãos completos, provenientes de cruzamentos realizados na Estação Experimental da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, Estado de Alagoas, no ano de 2006. Os cruzamentos realizados foram controlados, denominados biparentais ou cruzamentos simples. As sementes originadas destes cruzamentos foram coletadas e acondicionadas em embalagens apropriadas, sendo, posteriormente, enviadas ao Centro de Pesquisa e Melhoramento de Cana-de-açúcar (CECA), da Universidade Federal de Viçosa, localizado no município de Oratórios, Minas Gerais, com latitude 20°25'S; longitude 42°48'W; altitude 494 m; solo LVE. As sementes foram semeadas em bandejas com substrato para produção de mudas e acondicionadas em casa-de-vegetação para germinação e crescimento das plântulas. Posteriormente, as plântulas foram transplantadas e ficaram 120 dias, sob condição de sombrite com 50% luminosidade onde permaneceram 120 dias e 30 dias sem sombrite para aclimação. As plântulas originadas dos respectivos cruzamentos biparentais, após aclimação, foram enviadas para a instalação do experimento de famílias de irmãos completos em uma área experimental do CECA.

O experimento foi instalado em maio de 2007 no delineamento em blocos casualizados com cinco repetições, sendo cada parcela composta por dois sulcos de 5 m de comprimento espaçados em 1,40 m. Cada parcela foi constituída por 20 plantas. Os dados em cana planta foram coletados em junho 2008 e os em cana soca em junho de 2009.

Em 2008, a massa total da parcela (MTP) em kg foi determinada a partir da pesagem de todos os colmos da parcela com auxílio de um dinamômetro. A produtividade de colmos em tonelada de cana por hectare (TCH) foi determinada pela fórmula:

$$TCH = \frac{MTP \times 10000}{AP \times 1000}$$

Em que MTP é a massa total da parcela em Kg e AP é a área da parcela em m² (a parcela tinha 14 m²).

No ano de 2009, no estágio de cana soca, foi determinado o peso de cada touceira (PT) da parcela, cortando toda a touceira e pesando com o auxílio de um dinamômetro. A MTP para indivíduo foi determinada pela fórmula.

$$MTP = \frac{PT \times AP}{API}$$

Em que API é a área ocupado por um indivíduo em m² equivale a 0,7 m².

O TCH, em 2009, foi também determinado conforme descrito anteriormente.

2.2. Procedimentos de análise dos dados

Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, onde REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genotípicos.

Os valores genotípicos de cada família foram obtidos a partir dos experimentos montados no delineamento em blocos completos, com as avaliações realizadas no nível de parcela. O modelo estatístico é denotado por $y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), e X e Z representam as matrizes de incidência para os efeitos r e g respectivamente.

O número de indivíduos a serem selecionados em cada família foi determinado pelo BLUPIS modificado. A expressão que determina o número n_k de indivíduos a serem selecionados em cada família k é obtido por: $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) n_{k-1}$, em que: \hat{g}_j refere-se ao efeito genotípico da melhor família; \hat{g}_k refere-se ao efeito genotípico da k -ésima família; e, n_{k-1} equivale ao número de indivíduos selecionados na família anterior.

Os valores genotípicos de cada indivíduo dentro de família foram calculados utilizando as seguintes equações.

$$VG = gfam + Res * h^2ad$$

$$Res = y soca - (Xb + Zg + Wp, \quad \text{da análise conjunta})$$

$$h^2ad = \frac{Vg(\text{análise conjunta})}{Vd \text{ médio (soca)}}$$

Onde

VG é o valor genotípico do indivíduo.

gfam é o efeito genotípico da família da análise conjunta das duas colheitas: cana planta e primeira soca).

Res é o resíduo individual conforme definido acima.

Y soca: medições individuais realizadas na cana soca.

Xb+Zg+Wp: fenótipos individuais preditos via ajuste do modelo na análise conjunta de cana planta e soca.

h^2ad : herdabilidade dentro de progênie na cana soca.

Vg: variância genotípica estimada na análise conjunta de cana planta e soca.

Vd médio (soca): variância fenotípica dentro de progênie na cana soca, estimada como a média das variâncias dentro de cada parcela.

As análises estatísticas foram realizadas no software SELEGEN (Resende, 2007).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 estão apresentadas as estimativas de componentes de variância e dos parâmetros genéticos da variável TCH analisados em nível de parcela.

Há variabilidade genética e possibilidade de seleção para a característica TCH, uma vez que os valor do coeficiente de variação genética, $CV_{gi}(\%)$, foi igual a 21,85. Valores acima de 10% indicam presença de variabilidade com possibilidade de seleção (OLIVEIRA et al. 2008, OLIVEIRA et al. 2005).

Tabela 1. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para a característica tonelada de colmos por hectare (TCH), de 110 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar. Oratórios, 2008.

Parâmetros ¹	TCH (t ha ⁻¹)
σ_g^2	282,1307
σ_e^2	306,5197
σ_f^2	588,6504
\hat{h}_g^2	0,4792 ± 0,083
\hat{h}_{mf}^2	0,8214
Ac_{fam}	0,9063
$CV_{gi}(\%)$	21,8591
$CV_e(\%)$	22,7844
CV_r	0,9593
Média Geral	76,8407

¹ Variância genotípica (σ_g^2); variância residual (σ_e^2); variância fenotípica individual (σ_f^2); herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (\hat{h}_g^2); herdabilidade da média de família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2); acurácia da seleção de famílias (Ac_{fam}); coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi}(\%)$); coeficiente de variação ambiental ($CV_e(\%)$); coeficiente de variação relativa (CV_r).

A acurácia refere-se à correlação entre o valor genético verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos

experimentos. Os valores adequados de acurácia são aqueles próximos à unidade, ou 100%. A acurácia é tanto mais alta quanto menores forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos (Resendee Duarte 2007).

Os valores de acurácia seletiva (Tabela 1) para a característica TCH foi 0,90, demonstrando a alta precisão do experimento, segundo critérios definidos por Resende e Duarte (2007).

A estimativa de herdabilidade da média de família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2) foi 0,82 para TCH, favorecendo a seleção de famílias promissoras. Silva (2009) avaliando famílias de cana-de-açúcar obteve estimativas de herdabilidade no sentido amplo para TCH de 0,76, respectivamente. Segundo Stringeret al. (2010), a maioria da variabilidade entre as famílias é devido aos efeitos genéticos, sendo possível realizar seleção entre estas famílias.

Na Tabela 2 são apresentados resultados da análise com plantas individuais.

A seleção de indivíduos dentro da parcela é ineficiente porque a herdabilidade aditiva dentro da parcela (h_{ad}^2) apresenta magnitude baixa (0,03). A herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) para a característica TCH foi 0,05, bem menor que a herdabilidade no nível de média de famílias no sentido amplo ($h_{mf}^2 = 0,72$). Esses valores demonstram que para TCH, a seleção de indivíduos denominada de seleção massal, seria menos eficiente que a seleção de famílias.

Bressiani (2001) e Barbosa et al. (2004) relatam a importância em se utilizar a seleção de famílias em cana-de-açúcar, pois haveria maior probabilidade de encontrar indivíduos promissores para características de baixas herdabilidades individuais, a partir das primeiras etapas do melhoramento genético.

Tabela 2. Estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos para a característica avaliada no nível de planta Tonelada de Colmos por Hectare (TCH), de 110 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar. Oratórios, 2009.

Parâmetros ¹	TCH (t ha ⁻¹)
σ_g^2	514,49
σ_{parc}^2	42,07
σ_{dentro}^2	19227,02
σ_f^2	19783,59
h_{mf}^2	0,72
h_a^2	0,052 ± 0,01
h_{ad}^2	0,03
Média Geral a nível de planta	162,639

¹ Variância genotípica entre progênies de irmãos germanos (σ_g^2); variância ambiental entre parcelas (σ_{parc}^2); variância residual dentro de parcela (σ_{dentro}^2); variância fenotípica individual (σ_f^2); herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2) e herdabilidade aditiva dentro da parcela (\hat{h}_{ad}^2).

Na tabela 3 estão apresentados os valores dos efeitos genotípicos de cada família e o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família, por meio do método de seleção BLUPIS na safra de 2008, e número de indivíduos selecionados via BLUPI na safra 2009, para a característica TCH. A seleção dos indivíduos via procedimento BLUPI se deu pelo ordenamento dos valores genotípicos de todos os 7345 indivíduos avaliados, selecionando-se os melhores 1596 conforme indicado pelo método BLUPIS.

Foram selecionadas 29 famílias o que representa um taxa de seleção de aproximadamente 27% das famílias avaliadas. Em teoria, há grande probabilidade de encontrar genótipos promissores para a característica TCH

dentro dessas 27% melhores famílias. Dos 7345 indivíduos avaliados, foram selecionados, via BLUPIS modificado, 370 indivíduos. Esse valor corresponde a uma taxa de seleção de aproximadamente 5%. Silva (2009) avaliando a eficiência do procedimento BLUPIS em cana-de-açúcar em cana planta e soca obteve taxa de seleção de 16% e 32% quando utilizou o número de indivíduos selecionados na melhor família (n_j) de 50 e 100, respectivamente.

Tabela 3. Valores dos efeitos genotípicos (\hat{g}_j) ordenados das famílias, do número de indivíduos a serem selecionados pela metodologia BLUPIS modificado em 2008 (nBLUPIS) e número de indivíduos selecionados pelo valor genotípico individual, segundo o método BLUPI (nBLUPI), para a característica tonelada de colmos por hectare (TCH), considerando os números de indivíduos a serem selecionados na melhor família (n_j) igual a 40. Oratórios, 2008 e 2009.

Famílias	\hat{g}_j	nBLUPIS	nBLUPI
61	33,8121	40	40
67	28,2013	38	39
38	26,3037	35	45
28	24,6590	32	34
25	24,6574	30	41
117	22,1469	27	23
12	21,8906	24	22
39	21,0215	21	21
6	20,0570	18	13
113	20,0127	16	15
26	19,8697	14	14
27	18,2497	12	12
106	17,7798	10	10
9	17,6878	9	7
66	17,3822	8	6
70	17,2656	6	9
90	17,1013	5	9
22	16,2667	5	6
54	15,9496	4	6
45	15,1774	3	4
47	15,0344	3	3
60	13,2748	2	1
111	12,8065	2	4
43	12,4763	1	2
56	12,4303	1	4
75	12,2413	1	3
55	12,1263	1	1
42	12,1230	1	3
112	11,8667	0	2

Segundo Barbosa et al. (2005), quando realiza a seleção em famílias com elevados valores genotípicos possibilitar maior probabilidade de encontrar clones superiores em suas respectivas progênes.

Para Cox et al. (1996) e Kimbeng et. al. (2000), a seleção de famílias devem ser concentradas entre as 30 a 40% das melhores famílias porque é onde estão o maior percentual de clones elite.

Segundo Shanthiet al. (2008), a seleção de famílias é útil para identificar as famílias que provavelmente abrigam a maior proporção de clones elite. Isso permite a seleção de clones superiores, além de permitir, também, manter ou descartar os genitores e planejar os cruzamentos futuros.

Uma forma de utilizar o potencial das melhores famílias seria realizar o plantio de um número maior de plântulas destas famílias e realizar a seleção individual para TCH dentro da família.

As cinco famílias com valores mais elevados de efeito genotípicos foram 61, 67, 38, 28 e 25. A família 61, no ano de 2008 apresentou o maior valor de efeito genotípico (33,8121) e o BLUPIS modificou classificou 40 e BLUPI classificou 40 indivíduos desta família demonstrando a precisão do método. O método BLUPIS modificou apresentou correção de 0,98 com o método BLUPI demonstrando a precisão para a seleção em cana planta nos programas de melhoramento.

4. CONCLUSÕES

A seleção de famílias via método BLUPIS modificou pode ser uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos.

O método BLUPIS modificou apresentou correção de 0,98 com BLUPI demonstrando a precisão do BLUPIS modificou para seleção em cana planta.

5. AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, pelo suporte financeiro ao programa de Pós-Graduação em genética e melhoramento da Universidade Federal de Viçosa e ao programa de

melhoramento de cana-de-açúcar da UFV, pela possibilidade de realização deste trabalho.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D V. de ; BRESSIANI, J.A. ; SILVEIRA, L. C. I. da ; PETERNELLI, L.A. . Selection of sugarcane family and parents by Reml/Blup. **Crop breeding and applied biotechnology**, v. 5, p. 443-450, 2005.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Melhoramento genético e recomendação de cultivares. In: SANTOS,F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Eds). Cana-de-açúcar, Bioenergia, açúcar e etanol – Tecnologias e perspectivas. Viçosa: Folha de Viçosa, 2012. p. 313 – 331.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Piracicaba, SP: USP, Escola superior de Agricultura Luiz de Queiroz. 134p. 2001.

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

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Cana-de-açúcar primeiro levantamento. [online] Disponível na Internet via WWW. URL: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11_12_08_11_00_54_08.pdf. Última atualização em 15 de janeiro de 2012.

COX, M.C.; MCRAE, T.A.; BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement

program. 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.42-43.

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

KIMBENG, C.A.; MC RAE, T.A.; STRINGER, J.K. Gains from family and visual selection in sugarcane, particularly for heavily lodged crops in the Burdekin region. **Proc Aust Soc Sug Tech** v.2. p.163-169. 2000.

OLIVEIRA, R.A. et. al. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, n.3, p. 269 – 274, 2008.

OLIVEIRA, R.A. et. Al. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the State of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 426 -434, 2005.

PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Desafios na condução e planejamento de experimentos de avaliação de clones de cana-de-açúcar. In: III Simpósio de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas: Desafios e Perspectivas da Interação Biometria e o Melhoramento de Plantas, 2004, Lavras. Anais. Lavras: UFLA, 2004. p.17-27. disponível em: <http://www.nucleoestudo.ufla.br/gen/Paginas/Simposios.htm>>. Acesso em 15 de agosto de 2011.

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

RESENDE, M.D.V. **Selegen-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359p.

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

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica: Colombo, 2005. 130p.

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

SHANTHI, R.M.; BHAGYALAKSHMI, K.V.; HEMAPRABHA, G.; ALARMELU, S.; NAGARAJANET, R. Relative performance of the sugarcane families in early selection stages. *Sugar Tech* v.10, n.2, p 114-118, 2008.

SILVA, F.L. **Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. 65 p. 2009.

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

STRINGER, J.K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X.; HOGARTH, D. M. Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. **Sugar Tech** (Jan-Mar 2011) v.13, n.1, p 36–41, 2010.

ARTIGO CIENTÍFICO 2

INTERAÇÃO FAMÍLIA X COLHEITA E REPETIBILIDADE DE
CARACTERES AGROINDUSTRIAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR

VIÇOSA
MINAS GERAIS- BRASIL
2012

RESUMO

CASTRO, Rogério Donizeti de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2012. **Repetibilidade de características de seleção de famílias de irmão completos de cana-de-açúcar.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli. Coorientadores: Márcio Henrique Pereira Barbosa e Marcos Deon Vilela de Resende.

O objetivo do estudo foi determinar os coeficientes de repetibilidade entre colheitas medidas em famílias de irmãos completos para características agroindustriais em cana-de-açúcar no início das etapas de seleção. Foram utilizadas 110 famílias de irmãos completos alocadas num experimento instalado no ano de 2007 no delineamento em blocos casualizados com cinco repetições. Cada parcela foi constituída por 20 plantas. As seguintes características foram determinadas a partir da cana planta e primeira soqueira: porcentagem de sólidos solúveis no caldo (Brix), diâmetro, altura, número de colmo, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH). As análises estatísticas foram realizadas utilizando modelos mistos, onde os componentes de variâncias foram estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos das famílias foram previstos pela melhor predição não viciada (BLUP). As estimativas de repetibilidade para as características número de colmos, TCH e TBH foram de 0,70, 0,67 e 0,66 respectivamente. Os valores de correlação genotípica das famílias foram de 0,70, 0,67 e 0,66 para diâmetro, altura e número de colmos de parcela, TCH e TBH respectivamente. Houve coincidência de 68% entre as famílias presentes em cana planta e primeira soqueira e de 91% entre as famílias de cana planta e cana planta + primeira soqueira. As famílias selecionadas para TBH apresentaram valores genotípicos aproximadamente 30, 28 e 27% maior que a média geral para cana planta, cana planta + primeira soqueira e primeira soqueira respectivamente.

Termos de indexação: modelos mistos, *Saccharum* sp. estabilidade temporal, valor genotípico.

ABSTRAT

CASTRO, Rogério Donizeti de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2012. **Repeatability of characteristics in the selection of sugarcane full sibs families.** Adviser: Luiz Alexandre Peternelli. Co-Advisers: Márcio Henrique Pereira Barbosa and Marcos Deon Vilela de Resende.

The objective of the study was to determine the repeatability coefficients between harvests measured in full sibling families for sugarcane agro industrial characteristics in the beginning of selection stages. One hundred and ten full sibs families were allocated in an experiment installed in 2007 in a completely randomized blocks design with five replicates. Each parcel was constituted of 20 plants. The following characteristics were determined from the cane plant and the first ratoon: percentage of soluble solids in the juice (Brix), diameter, height, number of stalks, tons of sugarcane per hectare (TSH) and tons of Brix per hectare (TBH). The statistical analysis were done using mixed models, in which the variance components were estimated by restricted maximum likelihood (REML) and the families' genotypic values were predicted by the best linear unbiased prediction (BLUP). The repeatability estimates for the characteristics number of stalks, TSH and TBH were of 0.70, 0.67 and 0.66, respectively. The genotypic correlation values of the families were 0.70, 0.67 and 0.66 for diameter, height and number of stalks of the parcel, TSH and TBH, respectively. The coincidence of 68% was found between the families present in the cane plant and first ratoon, and of 91% between the families of cane plant and cane plant + first ratoon. The families selected for TBH genotypic values were approximately 30, 28 and 27% larger than the general mean for each cane plant, cane plant + first ratoon and first ratoon, respectively.

Indexation terms: mixed models, *Saccharum* sp., temporal stability, genotypic value.

1. INTRODUÇÃO

Na safra de 2011/2012, a cultura da cana-de-açúcar ocupou no Brasil uma área de aproximadamente 8,3 milhões hectares, com produção estimada superior a 571 milhões de toneladas de cana (Conab 2011). Para a produção de açúcar foram destinadas aproximadamente 284 milhões de toneladas, gerando uma produção de aproximadamente 37 milhões de toneladas de açúcar. Para a produção de etanol foram destinadas 287,6 milhões de toneladas de cana gerando aproximadamente 23 bilhões de litros de etanol.

O desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar e melhores práticas de manejo culturais e de extração do caldo possibilita o sucesso da produção de cana-de-açúcar. O desenvolvimento de uma nova variedade de cana leva de 12 a 15 anos de avaliação e seleção de clones para que uma variedade seja lançada (Pedrozo et al. 2011).

A seleção individual de clones no estágio inicial dos programas de melhoramento para produção de colmos tem mostrado ineficiente devido à baixa herdabilidade no sentido amplo para a maioria das características (Stringer et al. 2010; Skinner et al 1987).

Alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar no mundo têm praticado rotineiramente seleção de famílias antes da obtenção dos clones (Cox et al, 1996; BressianI, 2001; Kimbeng& Cox, 2003), sobretudo para caracteres cuja herdabilidade baseada nas médias de famílias tem sido superior à herdabilidade com plantas individuais, tais como a produção de colmos. A seleção de famílias em cana planta seguidas da seleção de clones individuais (seleção sequencial) é mais eficiente em ganho genético e custos nos estágios iniciais de seleção do que a seleção de famílias e de clones individuais separados (Kimberg e Cox 2003, Shanthi et al. 2008).

A seleção quando praticada em famílias com elevados valores genotípicos, pode possibilitar maior probabilidade de encontrar clones superiores em suas respectivas progênies (Barbosa et al.,2005; Resende e Barbosa, 2005).

Resende e Barbosa (2006) propuseram o BLUPIS (melhor predição linear não viciada individual simulado) que possibilita a seleção das famílias com base no seu valor genotípico em cana planta e indica o número de indivíduos a serem selecionados na primeira soqueira dentro de cada família selecionada sem a necessidade de medição de plantas individuais.

Para que possamos selecionar famílias em cana planta e indivíduos dentro de famílias na primeira soqueira é necessário que as características estudadas apresentem alto coeficiente de repetibilidade temporal, possibilitando que a seleção realizada em uma colheita se repita em colheitas posteriores.

Jackson (1992) verificou que o rendimento de sacarose mostrou-se altamente repetível entre cana planta e cana soca.

O objetivo com este estudo foi determinar o coeficiente de repetibilidade entre colheitas medidas em famílias de irmãos completos para caracteres agroindustriais em cana-de-açúcar no início das etapas de seleção.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Detalhes do Experimento

Neste estudo foram utilizadas sementes de 110 famílias de irmãos completos, provenientes de cruzamentos realizados na Estação Experimental da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, Estado de Alagoas, no ano de 2006. Os cruzamentos realizados foram controlados, denominados biparentais ou cruzamentos simples. As sementes originadas destes cruzamentos foram coletadas e acondicionadas em embalagens apropriadas, sendo, posteriormente, enviadas ao Centro de Pesquisa e Melhoramento de Cana-de-açúcar (CECA), da Universidade Federal de Viçosa, localizado no município de Oratórios, Minas Gerais, com latitude 20°25'S; longitude 42°48'W; altitude 494 m; solo LVE. As sementes foram semeadas em bandejas com substrato para produção de mudas e acondicionadas em casa-de-vegetação para germinação e crescimento das plântulas. Posteriormente, as plântulas foram transplantadas e ficaram 120 dias, sob condição de sombrite com 50% luminosidade onde permaneceram 120 dias e 30 dias sem sombrite para aclimação. As plântulas originadas dos respectivos cruzamentos biparentais, após aclimação, foram enviadas para a instalação do experimento de famílias em uma área experimental do CECA.

O experimento foi instalado no ano de 2007 no delineamento em blocos casualizados com cinco repetições, sendo cada parcela composta por dois

sulcos de 5 m de comprimento espaçados em 1,40 m. Cada parcela foi constituída por 20 plantas. Os dados de cana planta foram coletados em junho de 2008 e os de cana soca em junho de 2009. A área experimental foi adubada no plantio com 500 kg.ha⁻¹ com uma fórmula contendo 5% de N, 25% de P₂O₅ e 25% K₂O.

No ano de 2008 e 2009 foi amostrado aleatoriamente um colmo de cada touceira presente na parcela experimental. A coleta do caldo do colmo foi realizada no quinto entre nó e com auxílio de um refratômetro de campo determinou-se o Brix. Foi determinado o diâmetro do colmo no terceiro entre nó da base para o ápice com o auxílio de um paquímetro digital. A altura do colmo foi obtida com o auxílio de uma trena medindo da base do colmo até a primeira aurícula visível (dewlap). O número de colmos por parcela foi determinado pela soma de todos os colmos de cada touceira, sobreviventes e adultos, na parcela experimental.

A massa total da parcela (MTP em Kg) foi determinada a partir da pesagem de todos os colmos da parcela com auxílio de um dinamômetro. A tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de brix por hectare (TBH) foi determinadas pelas fórmulas:

$$TCH = \frac{MTP \times 10000}{AP \times 1000}$$

$$TBH = TCH \times \frac{Brix}{100}$$

Em que MTP é a massa total da parcela em Kg e AP é a área da parcela em m² (a parcela tinha 14 m²).

2.2. Procedimentos de análise dos dados

Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, onde REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genotípicos das famílias.

As análises estatísticas foram realizadas no software SELEGEN (Resende, 2007). O modelo misto utilizado foi $y = Xm + Zg + Wp + Tc + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos de famílias (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), c é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os seguintes parâmetros foram estimados:

A herdabilidade de famílias no sentido amplo no nível de parcela, dado por:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$$

onde σ_g^2 variância genotípica entre famílias; σ_c^2 variância da interação de famílias x colheitas; σ_p^2 variância do ambiente permanente de parcela; σ_e^2 variância residual.

A repetibilidade de família ao nível de parcela é dada por:

$$r = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$$

A correlação genotípica das famílias através das colheitas é dada por:

$$rgmed = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2}$$

As equações do modelo mistos do procedimento BLUP foram usadas para prever os valores genotípicos das famílias para as características avaliadas por safras e na média das safras.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos parâmetros fenotípicos e genotípicos para Brix, diâmetro de colmo, altura de colmo, número de colmos na parcela, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) estão apresentados na Tabela 4.

As estimativas de herdabilidades (h^2) foram maiores para TCH e TBH ($0,43 \pm 0,05$ e $0,4291 \pm 0,05$ respectivamente) do que as estimativas encontradas para diâmetro, altura, número de colmos na parcela e Brix ($0,38 \pm 0,05$, $0,37 \pm 0,05$, $0,36 \pm 0,05$ e $0,18 \pm 0,03$ respectivamente). Essas estimativas apresentaram alta precisão como podem ser verificados pelos seus respectivos erros padrão.

Os maiores valores de h^2 para TCH e TBH pode ter sido devido a uma alta variância genotípica entre as famílias sugerindo a possibilidade de melhorar essas características por seleção.

As estimativas de h^2 encontrados neste estudo foram próximas as estimativas apresentadas por Pedrozo et al. (2011). Estes autores apresentaram valores de h^2 de famílias no sentido amplo no nível de parcela média de 0,51, 0,48 e 0,30 para TCH, TBH e Brix respectivamente.

Silva (2009) avaliando 17 famílias de cana-de-açúcar e aplicando modelo misto para determinar a herdabilidade média de famílias no sentido amplo em cana primeira soqueira apresentou valores de 0,62, 0,54 e 0,55 para Brix, TCH e TBH respectivamente.

As variações das estimativas de herdabilidade nos diferentes estudos sugerem que a diferenças nos valores pode ser devido à utilização de populações reprodutoras diferentes e diferentes modelos estatísticos utilizado pelos autores.

As estimativas de repetibilidade de famílias no nível de parcela (r) entre as duas colheitas (cana planta e primeira soca) foram, de 0,70, 0,67 e 0,66 para número de colmos, TCH e TBH respectivamente. Esses valores de repetibilidade, segundo Resende (2002), são classificados como altos.

Tabela 4. Estimativas de parâmetros fenotípicos e genotípicos em famílias de irmãos compeltos de cana-de-açúcar para as características Brix, diâmetro, altura, número de colmos na parcela, TCH e TBH avaliados na CECA/UFV.

Parâmetro	Brix	Diâmetro	Altura	N colmos	TCH	TBH
σ_g^2	0,39	1,59	0,02	280,47	392,89	16,46
σ_c^2	0,22	0,06	0,01	52,00	76,30	3,13
σ_p^2	0,23	0,52	0,01	260,15	214,35	8,89
σ_e^2	1,32	1,97	0,02	172,58	214,09	9,86
σ_f^2	2,18	4,15	0,05	765,21	897,65	38,35
h^2	0,18 ± 0,03	0,38 ± 0,05	0,37 ± 0,05	0,36 ± 0,05	0,43 ± 0,05	0,42 ± 0,05
r	0,29	0,50	0,45	0,70	0,67	0,66
<i>rgmed</i>	0,64	0,95	0,75	0,84	0,83	0,84
<i>m</i>	19,46	24,60	2,25	96,17	92,67	18,17

σ_g^2 variância genotípica entre famílias, σ_c^2 variância da interação de famílias x colheitas, σ_p^2 variância do ambiente permanente, σ_e^2 variância residual temporária, σ_f^2 variância fenotípica, h^2 herdabilidade no sentido amplo no nível de famílias ± erro padrão, r repetibilidade no nível de parcela de família, ***rgmed*** correlação genotípica das famílias através das colheitas e ***m*** média geral.

Os valores de repetibilidade para as características diâmetro, altura de colmos e Brix foram 0,50, 0,45 e 0,29 respectivamente. Segundo Resende (2002) os valores de repetibilidade para diâmetro e altura de colmos são classificados como repetibilidade média e para Brix como baixa.

Pedrozo et al. (2011), avaliando a repetibilidade em cana planta e primeira soca apresentaram valores de repetibilidade de média de 0,69, 0,65 e 0,38 para TCH, TBH e Brix respectivamente. Segundo estes autores o que explica a alta repetibilidade para TCH e TBH foi o baixo nível de interação entre famílias e colheitas, esse fato também foi observado no presente trabalho.

Ferreira et al. (2005) apresentaram estimativas de repetibilidade no nível de genótipo individual de 0,67, 0,63 e 0,62 para TCH, porcentagem de pol no caldo da cana (PCC) e tonelada de pol por hectare (TPH), respectivamente.

As estimativas de repetibilidade encontradas por Pedrozo et al. (2011) para TCH, TBH e Brix e por Ferreira et al. (2005) para TCH estão de acordo as repetibilidades encontradas neste trabalho.

Quando o valor da repetibilidade é classificado como alta varias medidas são desnecessárias uma vez que irá proporcionar pouco ganho em precisão, sendo possível economizar em mão-de-obra, tempo e dinheiro.

A correlação genotípica das famílias através das colheitas (rgmed) fornece a confiabilidade da constância do ranqueamento das famílias ao longo das colheitas.

Os valores de rgmed para as características diâmetro, altura e número de colmos de parcela, TCH e TBH foram de 0,70, 0,67 e 0,66 respectivamente. Esses valores são considerados de alta magnitude. O valor de rgmed para Brix foi 0,64, sendo considerado como de média magnitude. Com essa magnitude de correlação genotípica é esperado que a maioria das famílias apresentem constância em cana planta e primeira soqueira.

Foi utilizada uma seleção de 20% para TBH para selecionar as melhores famílias com base em seus valores genotípicos predito para cada colheita (m+g+c) e para ambas as colheitas combinadas (m+g+cm). Foram selecionadas 22 famílias (Tabela 5).

Tabela 5. Valores genotípicos preditos para cada colheita (m+g+c) e para ambas as colheitas (m+g+cm) das famílias de irmãos completas para a característica TBH.

Rank	Cana planta		Primeira soca		Cana planta + primeira Soca	
	Famílias	m+g+c	Famílias	m+g+c	Famílias	m+g+cm
1	61	21,44	117	30,23	61	25,50
2	38	20,62	38	30,21	38	25,41
3	39	20,28	28	30,03	117	25,19
4	90	20,15	106	29,86	28	24,81
5	117	20,14	61	29,55	90	24,62
6	6	20,03	90	29,08	106	24,51
7	67	19,73	42	28,67	39	24,39
8	28	19,58	39	28,50	6	24,13
9	65	19,52	6	28,23	69	23,67
10	26	19,39	69	28,19	65	23,25
11	12	19,35	65	26,97	12	22,98
12	34	19,25	70	26,93	70	22,95
13	25	19,17	12	26,61	42	22,90
14	106	19,16	75	26,55	26	22,87
15	69	19,15	2	26,45	34	22,38
16	70	18,98	26	26,34	27	22,29
17	47	18,76	27	26,16	67	22,26
18	66	18,48	94	26,10	66	22,16
19	27	18,42	9	25,93	25	22,01
20	112	18,30	66	25,84	112	21,88
21	113	18,18	7	25,61	9	21,82
22	54	18,13	1	25,52	113	21,82
Média das famílias selecionadas		19,37		27,62		23,35
Média geral		14,81		21,53		18,17

Comparando esses dados observa-se que 15 famílias selecionadas em cana planta foram das mesmas famílias selecionadas na primeira soqueira, ou seja, 68% das famílias selecionadas em cana plantas estão presentes na primeira soqueira. Considerando os valores genotípicos em ambas das colheitas (cana planta + primeira soqueira) as famílias selecionadas em cana plantas representam aproximadamente 91% das famílias selecionadas em ambas as colheitas (cana planta + primeira soqueira).

Essa alta taxa de coincidência das famílias selecionadas em cana planta, com a primeira soqueira e em ambas as colheitas, indica que a seleção de famílias pode ser realizada nos dados de cana planta enquanto a seleção de clones superiores nas melhores famílias poderia ser realizada na primeira soqueira.

Segundo Stringer et al. (2010), o programa de melhoramento de cana de açúcar da Austrália utiliza esta estratégia de seleção de famílias em cana planta seguida de seleção de indivíduos dentro das melhores famílias na primeira soqueira.

Os estudos de famílias permitem concentrar a seleção de clones superiores nas melhores famílias, manter ou descartar os genitores e planejar os futuros cruzamentos do programa de melhoramento.

As famílias selecionadas para TBH apresentaram valores genotípicos aproximadamente 30, 28 e 27% maior que a média geral para cana planta, cana planta + primeira soqueira e primeira soqueira respectivamente. Esses resultados mostram a eficiência em melhorar o rendimento de açúcar das famílias de cana-de-açúcar no início dos estágios de seleção.

As seis melhores famílias selecionadas para TBH, considerando cana planta e primeira soqueira foram 61, 38, 117, 28, 90, e 39. Essas seis famílias estão presentes em cana planta, primeira soqueira e cana planta + primeira soqueira. Essas famílias poderão ser utilizadas em cruzamentos futuros para aumento de rendimento de açúcar via seleção recorrente recíproca.

4. CONCLUSÕES

As estimativas de repetibilidade para TCH e TBH foram 0,67 e 0,66 sendo possível selecionar as melhores famílias em cana planta e praticar a seleção dos indivíduos dentro destas famílias na primeira soqueira.

Os valores de correlação genotípica das famílias entre as colheitas foram altos para todas as características estudadas, exceto para Brix.

Aproximadamente 70% das famílias de cana planta foram selecionadas na primeira soqueira.

As famílias selecionadas neste estudo em cana planta apresentaram valores de TBH de 30% maiores que a média geral.

5. AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, pelo suporte financeiro ao programa de Pós-Graduação em genética e melhoramento da Universidade Federal de Viçosa e ao programa de melhoramento de cana-de-açúcar da UFV, pela possibilidade de realização deste trabalho.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D V. de ; BRESSIANI, J.A. ; SILVEIRA, L. C. I. da ; PETERNELLI, L.A. . Selection of sugarcane family and parents by Reml/Blup. **Crop breeding and applied biotechnology**, v. 5, p. 443-450, 2005.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Piracicaba, SP: USP, Escola superior de Agricultura Luiz de Queiroz. 134p. 2001.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Cana-de-açúcar primeiro levantamento. [online] Disponível na Internet via WWW. URL: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11_12_08_11_00_54_08.pdf Última atualização em 15 de janeiro de 2012.

COX, M.C.; MCRAE, T.A.; BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program. 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.42-43.

FERREIRA, A., BARBOSA, M. H. P., CRUZ, C. D., HOFFMANN, H. P., VIEIRA, M. A. S., BASSINELLO, A. I., SILVA, M. F. Repetibilidade e número de colheitas para seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.40, n.8, p.761-767, 2005.

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

JACKSON, P.A. Genotype x environment interactions in sugarcane. II. Use of performance in plant cane as an indirect selection criterion for performance in ratoon crops. **Aust. J. Agric. Res.** v. 43, p 1461–1470, 1992.

PEDROZO, C. A., BRABOSA, M. H. P., SILVA, F. L., RESENDE, M. D. V., PETERNELLI, L. A. Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. **Euphytica**, v.181, 2011.

RESENDE, M.D.V. **Seleção-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 359p.

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

RESENDE, M.D.V; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica: Colombo, 2005. 130p.

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

SHANTHI, R.M.; BHAGYALAKSHMI, K.V.; HEMAPRABHA, G.; ALARMELU, S.; NAGARAJANET, R. Relative performance of the sugarcane families in early selection stages. *Sugar Tech* v.10, n.2, p 114-118, 2008.

SILVA, F.L. **Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. 65 p. 2009.

SKINNER JC, HOGARTH DM, WU KK. Selection methods, criteria, and indices. In: Heinz DJ (ed) **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam, Elsevier, p 409–453, 1987.

STRINGER, J.K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X.; HOGARTH, D. M. Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. **Sugar Tech** (Jan-Mar 2011) v.13, n.1, p 36–41, 2010.

CONCLUSÕES GERAIS

A seleção de famílias via método BLUPIS pode ser uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos.

O método BLUPIS selecionou 52,7% das famílias estudadas para a característica TCH.

Dos indivíduos selecionados pelo BLUPI, 64% foram alocados dentro das famílias selecionadas pelo método BLUPIS para a característica TCH.

A seleção de 30 a 40% das melhores famílias no primeiro ano permite uma maior eficiência na indicação dos melhores indivíduos a serem selecionados dentro das famílias no ano seguinte.

As estimativas de repetibilidade para TCH e TBH foram 0,67 e 0,66 sendo possível selecionar as melhores famílias em cana planta e praticar a seleção dos indivíduos dentro destas famílias na primeira soqueira.

Os valores de correlação genotípica das famílias entre as colheitas foram altos para todas as características estudadas, exceto para Brix.

Aproximadamente 70% das famílias de cana planta foram selecionadas na primeira soqueira.

As famílias selecionadas neste estudo em cana planta apresentaram valores de TBH de 30% maiores que a média geral.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS GERAIS

KIMBENG, C.A.; FROYLAND, D.; APPO, D.; CORCORAN, A.; HETHERINGTON, M. An appraisal of early generation selection in the central Queensland sugarcane improvement program. **Proceedings Australian Society Sugarcane Technologists** 23:129-135. 2001.

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

JACKSON, P.A.; MCRAE T. A. Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research** 59: 151-162. 1998.

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