

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CRUZAMENTOS ENTRE
Saccharum spontaneum E CANA-DE-AÇÚCAR PARA A
PRODUÇÃO DE BIOENERGIA**

**Karen Rodrigues de Toledo Alvim
Engenheira Agrônoma**

2015

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CRUZAMENTOS ENTRE
Saccharum spontaneum E CANA-DE-AÇÚCAR PARA A
PRODUÇÃO DE BIOENERGIA**

Karen Rodrigues de Toledo Alvim

Orientador: Prof. Dr. Dilermando Perecin

Co-orientadores: Dr. Marcos G. de Andrade Landell

Dr. Mauro Alexandre Xavier

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção de título de Doutora em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2015

A475s Alvim, Karen Rodrigues de Toledo
Seleção de progênies de cruzamentos entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar para a produção de bioenergia / Karen Rodrigues de Toledo Alvim. -- Jaboticabal, 2015
XI, 55 p. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2015

Orientador: Dilermando Perecin

Co-orientadores: Marcos Guimarães de Andrade Landell, Mauro Alexandre Xavier

Banca examinadora: Marcos Guimarães de Andrade Landell, Ivana Marino Bárbaro, Luciana Rossini Pinto, Miguel Angelo Mutton, Ricardo Augusto Dias Kanthack

Bibliografia

1. Biomassa. 2. Biometria. 3. Melhoramento genético de cana-de-açúcar. 4. *Saccharum* spp. 5. Modelos mistos. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.61

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CRUZAMENTOS ENTRE *Saccharum spontaneum* E CANA-DE-AÇÚCAR PARA PRODUÇÃO DE BIOENERGIA

AUTORA: KAREN RODRIGUES DE TOLEDO ALVIM


ORIENTADOR: Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN

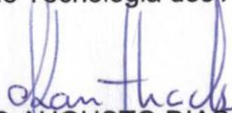
CO-ORIENTADOR: Prof. Dr. MARCOS GUIMARÃES DE ANDRADE LANDELL


CO-ORIENTADOR: Prof. Dr. MAURO ALEXANDRE XAVIER


Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. MARCOS GUIMARÃES DE ANDRADE LANDELL
Instituto Agrônômico de Campinas / Ribeirão Preto/SP


Profa. Dra. IVANA MARINO BARBARO
Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Colina/SP


Prof. Dr. RICARDO AUGUSTO DIAS KANTHACK
Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Assis/SP


Prof. Dr. MIGUEL ANGELO MUTTON
Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal


Profa. Dra. LUCIANA ROSSINI PINTO
Instituto Agrônômico de Campinas / Ribeirão Preto/SP

Data da realização: 27 de fevereiro de 2015.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Karen Rodrigues de Toledo Alvim, nascida em Uberlândia, Minas Gerais, Brasil, no dia 03 de junho de 1978. Tornou-se Engenheira Agrônoma pela Universidade Federal de Uberlândia (UFU) em Janeiro de 2009, onde também concluiu o curso de mestrado na área de Agronomia (Fitotecnia) em 2011, sobe a orientação do Prof. Dr. Césio Humberto de Brito. Foi aluna bolsista do PET (Programa de Educação Tutorial) durante toda a graduação e bolsista Capes durante o mestrado. Ingressou no curso de doutorado em Agronomia, com área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Câmpus Jaboticabal/SP, em março de 2011, sob a orientação do Prof. Dr. Dilermando Perecin, onde foi bolsista Capes até julho de 2012, tornando-se doutora em fevereiro de 2015. Durante o curso de doutorado, foi estagiária e pesquisadora auxiliar no Centro de Cana do Instituto Agronômico de Campinas (IAC), localizado em Ribeirão Preto/SP, sob a supervisão de seus co-orientadores Dr. Marcos Guimarães de Andrade Landell e Dr. Mauro Alexandre Xavier. Desde julho de 2012 é Especialista em Pesquisa de Produção na empresa Dow AgroSciences Sementes & Biotecnologia Ltda, trabalhando com pesquisa e produção de sementes híbridas de milho e sorgo.

*"Pedi e vos será dado. Buscai e achareis. Batei e vos será
aberto. "*

Mateus 7.7.

Dedico esta obra as minhas filhas

*Lara Rodrigues Alvim, Ana Flávia Rodrigues
Alvim e Luísa Rodrigues Alvim*

Ao meu ex-marido

Cássio Alessandri Alvim

E

A minha mãe

Regina Maria Rodrigues

AGRADECIMENTOS...

*Agradeço a **Deus** acima de tudo, pela força nos momentos difíceis, pela inspiração e por sempre guiar meus passos, e pelo amor a todos nós conferido.*

Agradeço também:

Às minhas filhas Lara, Ana Flávia e Luísa, pela compreensão e peço perdão pela minha falta nos momentos dedicados a esse trabalho. Sem o apoio delas eu nunca teria conseguido!

Ao meu até então esposo, Cássio Alessandri Alvim, pela parceria, apoio e incentivo pra que eu buscasse e acreditasse nos meus sonhos.

À minha mãe Regina Maria que me ensinou com o exemplo o valor do trabalho, da honestidade, da integridade, do amor e da dedicação.

Às minhas irmãs, Cássia e Camila, pela convivência, ensinamentos e por serem as parceiras e amigas de toda vida.

A Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP, pela oportunidade oferecida para realização deste curso.

Ao Professor Dilermando Perecin pela paciência, compreensão, dedicação, respeito, serenidade, profissionalismo, sabedoria na orientação e por se tornar um exemplo de pessoa para mim.

Aos Pesquisadores Dr. Marcos Landell e Dr. Mauro Alexandre Xavier pela co-orientação da realização deste trabalho, e mais ainda pela amizade estabelecida.

Aos funcionários do Centro de Cana de Ribeirão Preto pelo apoio técnico prestado durante a condução do experimento.

Aos Professores(as) Doutores(as) membros da banca do exame de qualificação: Miguel Mutton, Luciana Pinto, Sandra Unêda-Trevisoli e João Ademir.

À CAPES, pelo apoio financeiro na forma de bolsa de estudos.

*À FAPESP pelo apoio ao projeto **BIOEN**, número 2008/56146-5 - Sustainable Bioenergy
Sugarcane Breeding and Cultivar Development, o qual essa tese é parte.*

*Aos amigos adquiridos ao longo dessa difícil jornada de Pós-graduação: Camila, Luciana,
Gabriela, Caroline, Bruna, Isabela, Mariana, Flávio, João Guilherme, entre outros.*

*E a todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para meu aprendizado, não só
profissional, mas como pessoa e na confecção desta Tese.*

MUITO OBRIGADA!!!

SUMÁRIO

RESUMO	II
ABSTRACT	III
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1. A cana-de-açúcar (<i>Saccharum</i> spp.).....	2
2.1.1. Importância econômica	2
2.1.2. Origem	4
2.1.3. Classificação botânica, características genéticas e o melhoramento genético.....	4
2.2. A espécie <i>Saccharum spontaneum</i>	10
2.3. Bionergia.....	12
2.3.1. Álcool de Segunda Geração	14
2.3.2. A Cana-de-Energia	15
2.4. Modelos Mistos.....	18
2.4.1. Melhor Predição Linear não-viesada (BLUP) e Estimador Quadrático Não-Viesado de Variância Mínima (MIVQUE0)	19
3. MATERIAL E MÉTODOS	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
4.1. Seleção Massal Fenotípica.....	28
4.2. Resultado das análises por modelos mistos.....	29
4.3. Análise da fibra	38
4.4. Correlação entre os atributos.....	44
5. CONCLUSÕES	46
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CRUZAMENTOS ENTRE *Saccharum spontaneum* E CANA-DE-AÇÚCAR PARA A PRODUÇÃO DE BIOENERGIA

RESUMO – Há alguns anos se tem falado e mostrado a necessidade de geração de energia através de fontes renováveis, pouco poluentes e que possam ajudar a atender a alta demanda de combustíveis que vem sendo gerada de forma cada vez mais acelerada. Com o intuito de auxiliar nessa questão, procurou-se identificar genótipos superiores em produção de biomassa para produção de bioenergia, oriundos de três cruzamentos entre cultivares comerciais de cana-de-açúcar e genótipos de *Saccharum spontaneum*. Foram utilizados três cruzamentos, sendo um biparental denominado de Família 5002 (RB855465 x GLAGAH) e dois policruzamentos denominados de Família 5006 (NG26011 x ?) e Família 5008 (SE5069 x ?). Os *seedlins* cedidos ao IAC (Instituto Agronômico de Campinas) foram transplantados no dia 05 de abril de 2011 no Centro de Cana em Ribeirão Preto/SP. O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados, com 9 blocos de 3 parcelas, cada parcela com 5 linhas de 10 plantas cada, totalizando 1.350 plantas. O espaçamento utilizado foi de 1,5 x 1,5 m (entre plantas e entre linhas). Como cultivares padrão, foram utilizadas 5 cultivares comerciais (IACSP95-5000, IACSP95-5094, IAC91-1099, IACSP93-3046 e IACSP94-2101). A colheita de cana planta foi realizada aos 10 meses após o plantio e a de cana soca 7 meses após o primeiro corte. Foram avaliadas características biométricas, de produção e análises tecnológicas, além da seleção fenotípica massal dos indivíduos com melhor perfil bioenergético e correlação entre os atributos. Na comparação entre as médias das famílias e dos cruzamentos padrão, houve diferença significativa, com exceção da Família 5008 que não diferiu das cultivares. Das 326 progênies selecionadas durante a seleção massal, 245 foram da Família 5002, 19 foram da Família 5008 e 62 foram da Família 5006. Na seleção pela análise estatística, via modelos mistos, a produtividade genotípica predita das 30 progênies superiores variou de 176,70 a 221,31 TBIOH (toneladas de biomassa verde por hectare) em cana planta e de 311,90 a 441,83 em cana soca. A maioria dos genótipos classificados pela análise estatística pertence à Família 5002 (64% da classificação em cana planta e 57% em cana soca). A Família 5008 apresentou somente 2 genótipos superiores. A utilização da espécie *Saccharum spontaneum* como parental feminino na família biparental (5002), parece ter influenciado no maior número de progênies selecionadas. Houve alta correlação entre o atributo TBIOH e o número de colmos por planta. Esses resultados justificam o uso de *Saccharum spontaneum* como fonte de genes para aumento de biomassa em germoplasmas de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: Biomassa, biometria, melhoramento genético de cana-de-açúcar, *Saccharum spp*, modelos mistos.

SELECTION OF PROGENIES OF CROSSES BETWEEN *Saccharum spontaneum* AND CANE SUGAR FOR BIOENERGY PRODUCTION

ABSTRACT – For a few years now, it has been discussed and exposed the need of energy generation through renewable, low-polluting sources that might be able to attend to the high demand for fuel, which is constantly growing. With the purpose of aiding in this matter, it was intended to identify genotypes with superior biomass production for energy production, descending from three crossbreeds between sugarcane commercial cultivars and genotypes from *Saccharum spontaneum*. Three crossbreeds were used, being one biparental crossbreed named Family 5002 (RB855465 x GLAGAH) and two polycrosses named Family 5006 (NG26011 x ?) and Family 5008 (SE5069 x ?). The seedlings provided to the IAC (Instituto Agronômico de Campinas – Agronomic Institute of Campinas) were transplanted in April 5th 2011 from the Sugar Cane Center in Ribeirao Preto/SP. It was used the augmented block design, with 9 blocks of 3 portions each, each portion having 5 lines of 10 plants each, totalizing 1350 plants. The spacing used was 1.5 x 1.5 m (between plants and lines). As standard cultivars, were used 5 commercial cultivars (IACSP95–5000, IACSP95–5094, IAC91-1099, IACSP93-3046 and IACSP94-2101). The harvest of each plant was performed 10 months after plantation and the ratoon cane 7 months after the first cut. Were evaluated characteristics regarding biometry, production and technological analyzes, and also mass phenotypic selection of subjects with better bioenergetics profile and correlation between the attributes. In the comparison between the medium of families and standard crossbreeds, a significant difference was noted, except the Family 5008 which wasn't different from the cultivars. From the 326 progenies chosen during the mass selection, 245 were from Family 5002, 19 from Family 5008 and 62 from the Family 5006. The selection by statistic analysis, via mixed models, the predicted genotypic productivity of the 30 superior progenies varied from 176.70 to 221.31 TBIOH (tons of green biomass per hectare) in each plant and from 311.90 to 441.83 in ratoon cane. Most of the phenotypes classified through the statistic analysis belong to Family 5002 (64% of the classification in each plant and 57% in ratoon cane). The family 5008 presented only 2 superior genotypes. The use of *Saccharum spontaneum* as a female parental in the biparental family (5002) seems to have influenced in the higher number of selected progenies. There was a high correlation between the attribute TBIOH and the number of culms per plant. These results justified the use of *Saccharum spontaneum* as a source of genes to increase biomass in sugarcane germplasms.

Keywords: Biomass, biometry, sugarcane genetic improvement, *Saccharum* spp, mixed models.

1. INTRODUÇÃO

A necessidade de geração de energia por meio de fontes renováveis tem demandado novas estratégias por parte dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar. Uma dessas estratégias é a definição de um novo perfil varietal que provavelmente estará disponível nos próximos anos. O fenótipo adequado para atender tal finalidade deve apresentar alto potencial em termos de geração de energia primária (produção de biomassa total) concomitante com a produção de açúcares, passando a ter dupla funcionalidade.

Alguns países já iniciaram programas focados nessa então denominada “cana energia” (CRESTE et al., 2010). Há, no entanto, a necessidade da ampliação da base genética e da inclusão de novos acessos do complexo *Saccharum spp.*, que apresentem alta capacidade de produção de biomassa para se alcançar os novos desafios que essa diversificação da matriz energética exige.

Nesse contexto, a espécie *Saccharum spontaneum* L., considerada uma planta infestante em alguns países e uma valiosa erva medicinal em outros (KUMAR et al., 2010), se destaca pela rusticidade e alta capacidade de produção de biomassa. É a espécie que apresenta maior variabilidade genética dentro do complexo *Saccharum*, com número de cromossomos variando de $2n = 40$ a $2n = 128$, existindo ainda formas euplóides e aneuplóides. Em razão dessa ampla variabilidade genética, muitas variações em características morfológicas e fisiológicas têm sido observadas (HAMMOND, 1998; TAI; MILLER, 2001; MARY et al., 2006).

Por isso, o cruzamento de cultivares comerciais com a espécie *Saccharum spontaneum* tem sido proposto como uma importante fonte de diversidade para os bancos de germoplasma obtendo-se características desejáveis para a produção de biocombustíveis. No entanto, pouco se sabe sobre o desenvolvimento e ecofisiologia desse novo genótipo, especialmente nos trópicos (AMALRAJ et al., 2006).

Wang et al. (2008) também sugeriram que a espécie *Saccharum spontaneum* L. deveria ser cruzada com cultivares de cana-de-açúcar de alta performance comercial visando a seleção de famílias com alta composição de biomassa, não havendo vantagem no cruzamento entre *S. spontaneum* e *S. officinarum*, como feito

nos cruzamentos realizados nos primórdios do melhoramento de cana-de-açúcar, no final do século XIX.

Durante muito tempo, os programas de melhoramento da cana-de-açúcar foram voltados para o aumento da produção de açúcar por unidade de área, mensurada em toneladas de Pol por hectare. Essa seleção, visando os componentes de produção envolvidos para a maximização das características: toneladas de colmo por hectare (TCH), brix, pureza e ATR, levaram à perda (ou baixa frequência) de muitos alelos favoráveis à produção de biomassa, que devem ser resgatados com a introgressão gênica de espécies como a *Saccharum spontaneum*.

Sendo assim, o objetivo geral desse trabalho foi a seleção fenotípica e genotípica de genótipos superiores com relação à produção de biomassa, sendo estes oriundos de três cruzamentos entre cultivares comerciais do complexo *Saccharum* e acessos selvagens de *Saccharum spontaneum*. E como objetivos específicos têm-se:

- Obter genótipos que associem maior produção de biomassa com características tecnológicas, através de avaliações biométricas;
- Obter estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre os atributos avaliados;
- Obtenção de indivíduos superiores na seleção massal;
- Obter parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos para a classificação destes materiais com potencial de abastecer bancos de germoplasma e de gerar novas cultivares.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.)

2.1.1. Importância econômica

A cana-de-açúcar é uma das culturas de grande importância no cenário

agrícola brasileiro, sendo que o Brasil é responsável por mais da metade do açúcar comercializado no mundo. Além disso, a partir de 1975 quando o governo federal lançou o Programa Nacional do Álcool (Proálcool), com o objetivo de reduzir a dependência do país em relação ao petróleo, aliado à demanda mundial por fontes de energia menos agressivas ao meio ambiente, houve uma intensa transformação do agronegócio da cana, resultante de grandes investimentos em melhorias tecnológicas diante da perspectiva de aumento do consumo de etanol não só no país, mas mundialmente. Esses fatores fizeram do Brasil um dos maiores produtores de álcool, disputando a liderança mundial com os Estados Unidos. Lembrando que o milho é a principal fonte de álcool dos americanos.

Segundo o MAPA (2014) a cana-de-açúcar ocupa hoje cerca de 9 milhões de hectares no Brasil, e terá um acréscimo na área de 3,3% no ano agrícola 2014/15, em relação à safra 2013/14. O acréscimo é reflexo do aumento de 4,1% (318,5 mil hectares) na área da Região Centro-Sul, o que compensou o decréscimo de 3% (31,9 mil hectares) na área da Região Norte/Nordeste. Esse aumento está concentrado nos estados que tiveram aumento de novas unidades e corresponde à consolidação das áreas destas novas indústrias. São Paulo permanece como o maior produtor com 51,43% da área plantada, seguido por Goiás com 9,85%, Minas Gerais com 8,8%, Mato Grosso do Sul com 7,63%, Paraná com 7,07%, Alagoas com 4,41% e Pernambuco com 2,89%. Estes sete estados são responsáveis por 92,07% da produção nacional (CONAB, 2014).

De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2014) na safra 2013/14 foram moídas 658 milhões de toneladas de cana, sendo 360 milhões para etanol e 297 milhões para produção de açúcar. A produção total de etanol para esta safra representa um aumento de 19,7% em relação à anterior, que foi de 23,6 bilhões de litros, sendo que o etanol anidro teve um aumento de 20,2% e o hidratado, de 19,4%.

Além da importância na fabricação de etanol, a cana-de-açúcar destaca-se como importante fonte energética, pelo grande potencial de produção de energia elétrica a partir do aproveitamento da biomassa. A bioenergia assume hoje um papel relevante na composição da matriz energética brasileira e, a biomassa do setor sucroalcooleiro tem grande contribuição a oferecer.

2.1.2. Origem

Introduzida no período colonial, a cana-de-açúcar tem origem incerta. Embora a literatura seja ampla, é bastante discordante.

Biswas (1988) cita que a origem da cana-de-açúcar é a Índia, e que a cultura já era mencionada desde 1.400 a 1.000 a.C. De acordo com Barber (1931), a cana-de-açúcar foi levada da Índia para a China em torno do ano 400. Os chineses levaram-na para o Japão, Java e Filipinas, e esses países difundiram a cultura em pequenas ilhas como o Havaí, no Pacífico. E no final do século XVIII foi levada para a Austrália (GOMES; LIMA, 1964; LUCCHESI, 2001).

Doorembos e Kassam (1979) *apud* Scarpari (2002) afirmam que a cana-de-açúcar é originária de Nova Guiné, onde sua existência era tida como planta silvestre e ornamental. De Nova Guiné, a cana-de-açúcar teria se disseminado em várias regiões do sul do Oceano Pacífico, na Indochina, no Arquipélago da Malásia e em Bengala, sendo certo o seu aparecimento como planta produtora de açúcar na Índia tropical.

Segundo Ethirajan (1987), as cultivares de cana-de-açúcar se enquadram em duas categorias. A primeira categoria se refere às canas “nobres” tropicais, tendo Nova Guiné como centro de origem primário. Essas canas apresentam colmos espessos, macios, suculentos e doces. A segunda categoria se refere às canas “indianas/chinesas” subtropicais, e tem como centro de origem o subcontinente indiano. Essas canas exibem colmos finos e médios, duros e pouco produtivos.

2.1.3. Classificação botânica, características genéticas e o melhoramento genético

A cana-de-açúcar é uma espécie alógama, da família *Poaceae* tribo *Andropogoneae*, assim como o milho e o sorgo, e gênero *Saccharum*. Dentro do gênero *Saccharum*, ocorrem principalmente seis espécies: *S. officinarum* L. ($2n = 80$), *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl ($2n = 60-205$), *S. barberi* Jeswiet ($2n =$

81-124), *S. sinense*, Roxb. ($2n = 111-120$), *S. spontaneum* L. ($2n = 40-128$), e *S. edule* Hassk. ($2n = 60-80$). (DANIELS; ROACH, 1987).

Considera-se que as cultivares comerciais atuais de cana-de-açúcar sejam complexos híbridos multiespecíficos, derivados das espécies pertencentes ao gênero *Saccharum* e com participações dos gêneros *Erianthus* sect.; *Ripidium*; *Sclerostachya*; *Narenga* e *Miscanthus* sect. Diandra Keng, resultando em cultivares cujo número de cromossomos pode variar de 100 a 120 com aproximadamente 80% do genoma contribuído por *S. officinarum*, 10-15% por *S. spontaneum* e 5-10% de recombinação entre as duas espécies e contribuições de espécies de outros gêneros (D'HONT et al., 1996; PIPERIDIS; D'HONT, 2001). Brown et al. (2007) analisaram 30 acessos de cinco espécies do complexo *Saccharum* (*S. barberi*, *S. officinarum*, *S. robustum*, *S. sinense* e *S. spontaneum*) usando marcadores de cultivares comerciais de cana-de-açúcar e métodos estatísticos multivariados. Em suas análises, os autores sugeriram que a introgressão de outros gêneros deve realmente ter ocorrido.

Esses híbridos foram desenvolvidos a partir de cruzamentos feitos no início do século passado. Em que, procurava-se aliar a rusticidade de espécies como *S. spontaneum*, aos altos teores de sacarose das cultivares nobres de *S. officinarum*, resultando num processo histórico de melhoramento da cultura, conhecido como “nobilização” (BREMER, 1961).

O Melhoramento da cana-de-açúcar deu início efetivamente por Soltwedel, em Java no ano de 1885 que conseguiu fazer germinar sementes de *Saccharum spontaneum* e em 1887, realizou cruzamentos entre *S. spontaneum* x *S. officinarum*. No Brasil as primeiras hibridações foram em 1892 segundo Cavalcanti (1990), mas o primeiro programa brasileiro de melhoramento da cana-de-açúcar de longa duração foi o de Campos, tendo se iniciado em 1933 e finalizado em 1973. Durante o período em que esteve em andamento, este programa desenvolveu as cultivares com prefixo CB (Campos-Brasil), que serviram de base para as usinas de açúcar do Rio de Janeiro e São Paulo (MACHADO et al., 1987).

O processo histórico do melhoramento da cana-de-açúcar pode ser dividido em cinco fases principais. A primeira fase está relacionada ao cruzamento e seleção de clones de cana nobre (*Saccharum officinarum*) para obter as cultivares “nobres”,

que tinham boa qualidade de moagem, alto conteúdo de açúcar e baixo teor de fibra, no entanto apresentavam baixo vigor, baixa capacidade de rebrota e baixa resistência a doenças (MING et al., 2006).

Na segunda fase ocorreram hibridações interespecíficas entre as canas *S. officinarum* e espécies selvagens, seguido de sucessivos retrocruzamentos com *S. officinarum*, procedimento citado anteriormente como “nobilização” da cana-de-açúcar. O objetivo principal era obter cultivares que possuíssem o potencial de produção de açúcar das canas nobres e a robustez, vigor e resistência a doenças de espécies selvagens. Um fato de grande importância nessa fase foi o desenvolvimento, por melhoristas em Java, em 1921, da cultivar POJ 2878, resistente ao mosaico. Doença importante e que assolava muitos canaviais na época (MING et al., 2006).

No Brasil, por volta de 1869 uma enfermidade, denominada gomose, devastou a cultivar Caiana, fazendo com que houvesse grande interesse, na obtenção de novas cultivares resistentes (EISENBERG, 1977; MACHADO et al., 1987). Dentre as cultivares encontradas no Brasil, apenas a Roxa, Rosa, Ubá e Cristalina, foram cultivadas em substituição à Caiana. Durante cerca de 30 anos, até o advento dos híbridos javaneses e indianos, foram estas cultivares, a base dos canaviais brasileiros (JUNQUEIRA; DANTAS, 1964). Na década de 20 o vírus-do-mosaíco devastou todos os grandes centros açucareiros da América, culminando na mais importante epidemia da cultura da cana. Nesta mesma ocasião os canaviais brasileiros eram formados exclusivamente pelas canas nobres, as quais eram muito ricas em açúcar, porém, altamente suscetíveis ao mosaico. As cultivares nobres cultivadas no Brasil, até então, precisaram ser substituídas por cultivares javanesas resistentes ao mosaico (POJ 36 e POJ 213) desenvolvidas na segunda fase, bem como por outras cultivares importadas da Argentina e da Índia (ARRUDA, 1941; JUNQUEIRA E DANTAS, 1964; MACHADO et al., 1987; MATSUOKA et al., 2005).

A terceira fase constituiu no cruzamento das canas nobilizadas para produzir as canas híbridas melhoradas nos anos 1930. Essas cultivares tiveram grande importância para a produção de açúcar durante as décadas seguintes em diversas regiões do mundo (LOPES, 2011).

A quarta fase foi o período em que foram desenvolvidas as atuais cultivares a

partir de extensivos cruzamentos entre os híbridos obtidos nas fases anteriores. A consequência do uso de um número restrito de genótipos foi uma base genética estreita e a “perda” de genes de interesse para outras características, como por exemplo, a produção de biomassa. Devido a esse fato, iniciou-se a quinta fase caracterizada pelo uso de germoplasma selvagem nos programas de melhoramento, na tentativa de ampliar a base genética e resgatar genes de interesse “perdidos” durante o período de seleção das cultivares até então desenvolvidas (ROACH, 1989; JACKSON, 2005). Nessa fase destaca-se também o uso da biotecnologia no auxílio da seleção e na inclusão de genes.

As cultivares são a espinha dorsal de qualquer empresa açucareira bem sucedida; onde não existem programas de melhoramento locais, as fontes de novas variedades podem ser críticas na sustentabilidade da indústria a longo prazo. Isso será mais importante ainda se a adoção do etanol e a cogeração de eletricidade mudar de prioridade como atividades simultâneas e complementares da produção de açúcar (MACHADO Jr., 2009).

Atualmente, o Brasil se encontra entre os pioneiros na obtenção de cultivares de cana-de-açúcar de valor comercial (MATSUOKA, et al., 2005), sendo estas desenvolvidas basicamente por quatro principais programas: o do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC, em São Paulo); o do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), antiga Copersucar; o da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA); e o mais novo deles, Canavialis. Algumas empresas multinacionais também iniciaram o melhoramento da cana-de-açúcar, a Monsanto, a Syngenta e a Basf.

Todos os programas de melhoramento de cana-de-açúcar possuem praticamente as mesmas etapas, com alguma diferença, principalmente na nomenclatura. A primeira etapa de qualquer programa é a obtenção de um conjunto diverso de genótipos, para constituição do banco de germoplasma. A segunda etapa seria a seleção dos genótipos com boa performance para as características de interesse econômico, dentro deste conjunto, e a sua utilização em cruzamentos para desenvolver cultivares comerciais superiores. Ressalta-se que isso pode levar a um estreitamento da base genética (LIMA et al., 2002).

A variabilidade genética disponível para a próxima etapa, que seria a seleção,

provém de cruzamentos sexuais, e pode ser realizada de três maneiras: por cruzamentos biparentais, em que os cruzamentos são feitos usando dois genitores conhecidos, podendo algum deles ser usado exclusivamente como fêmea; policruzamentos, quando um grande número de genótipos é inter cruzado; nesse caso, pode-se colher sementes nas panículas de todos os genitores envolvidos, o que impede a identificação da fonte de pólen, ou seja, correndo o risco de ocorrerem autofecundações também, ou se escolhe um genitor como fêmea com vários genitores machos; e a polinização livre, onde sementes são colhidas em plantas crescendo livremente (LANDELL; BRESSIANI, 2008).

Uma vez que a cana-de-açúcar é uma espécie alógama, os cruzamentos devem ser planejados de forma a evitar a ocorrência de cruzamentos entre indivíduos aparentados.

A seleção dos genótipos superiores em cana-de-açúcar inicia-se logo na população segregante, gerada a partir da hibridação desses genitores previamente selecionados, em que já se tem o genótipo fixado, chamada de FS1 (fase de seleção de *seedlings*) ou T1. Após a seleção dos genótipos na população segregante, aplica-se às etapas posteriores do programa, o método de melhoramento denominado “seleção clonal”. Considerando todo esse processo de seleção clonal, o tempo gasto na identificação do genótipo superior ficava em torno de 11 a 13 anos (BARBOSA et al., 2005), no entanto, com o uso da biotecnologia e melhorias nas metodologias utilizadas, esse tempo tem sido reduzido significativamente.

Na primeira fase de seleção FS1, os “seedlings” são instalados no campo adotando-se o espaçamento de 1,50 m entre as linhas e 0,50 m entre plantas. São realizadas observações ao longo dos ciclos de cana planta e soca, quantificando índices de doenças nas progênies. Na fase FS2, instala-se o campo de seleção com a multiplicação de duas linhas de três metros por clone (2 x 3). Nessa segunda fase é feita uma pré-avaliação utilizando-se das escalas conceituais para características morfológicas e condições fitossanitárias, além do Brix que é determinado com auxílio de refratômetro analógico (a quantidade de sólidos solúveis contidos na solução do caldo, obtido do 5º entrenó acima do nível do solo). Após a identificação dos melhores genótipos, é realizada a biometria. A fase FS3 consiste de um campo de seleção onde cada clone está numa parcela de oito linhas de cinco metros (8 x 5).

Nessa fase são realizadas as mesmas avaliações da fase anterior e em épocas também semelhantes. Concomitantemente, são mantidos os campos de seleção das fases FS2 e FS3, permitindo as observações, no mesmo período, dos parâmetros de produção e da longevidade de produção. Avaliações tecnológicas são realizadas coletando-se amostras na soca de FS2 em três épocas distintas para caracterizar a curva de maturação de cada genótipo (CANAOSTE, 2013).

Com base na premissa de que a seleção de indivíduos superiores será mais eficiente se for conduzida em populações de maior média ou maior frequência de alelos favoráveis, a seleção em populações segregantes de cana-de-açúcar, a qual ocorre em indivíduos (seleção massal), é uma etapa do programa passível de ser melhorada. Por isso é que alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar têm praticado rotineiramente seleção de famílias antes da obtenção dos clones (COX et al., 2000; BRESSIANI, 2001; KIMBENG; COX, 2003), sobretudo para caracteres cuja herdabilidade baseada nas médias de famílias tem se mostrado superior a herdabilidade com base em plantas individuais. De acordo com Matsuoka et al. (2005) e Bressiani (2001), as melhores estratégias a serem consideradas nesta fase é a seleção massal, realizada com alta intensidade apenas para os caracteres de alta herdabilidade, como Brix e resistência a doenças ou a seleção de famílias.

De qualquer forma, a obtenção dos clones passa necessariamente, pela avaliação visual dos indivíduos, seja ela realizada em famílias previamente selecionadas ou não. Nesta fase, é comum a prática de seleção indireta para o caráter principal, ou seja, produção de colmos via altura de plantas, número e diâmetro de colmos da touceira (PEDROZO, 2006). Pode-se proceder com a seleção no estágio de canaplanta ou cana soca, no entanto, a seleção em cana soca é mais adequada, sob o argumento que, aparentemente, as diferenças entre os genótipos são mais evidentes. Além do mais, essa estratégia permitiria uma seleção natural para capacidade de rebrota (LASCANO; MARIOTTI, 1970; LANDELL, SILVA, 204).

Grande parte dos caracteres agrônômicos, industriais e de resistência às doenças em cana-de-açúcar, é de natureza quantitativa, de forma que a seleção de indivíduos superiores é fortemente influenciada por componentes ambientais. Ferreira et al. (2005) determinaram que o número mínimo é de três cortes para

medições a serem realizadas para as características toneladas de colmos por hectare, toneladas de sacarose no caldo da cana por hectare e teor de sacarose dos colmos por cento cana, para que a seleção possa ser praticada com previsibilidade do valor real do genótipo acima de 80%.

Nas fases subseqüentes à seleção inicial e, intermediárias no processo de seleção, a quantidade de material propagativo ainda é bastante limitada, portanto, nestas fases, os experimentos são constituídos por parcelas pequenas, de um ou dois sulcos, e avaliados sem repetições e em um único local. Nesses casos, o delineamento estatístico bastante utilizado, que permite avaliar um grande número de genótipos e contornar o problema relacionado à limitação de material propagativo, é o delineamento em blocos aumentados, proposto por Federer (1956) e confirmado por Peternelli et al. (2009), em que os autores concluem que é preferível avaliar mais genótipos empregando-se o delineamento em blocos aumentados (DBA) do que reduzir o número de genótipos regulares utilizando-se repetição desses em delineamentos como blocos aumentados duplicados (DBAD) ou grupos de experimentos em blocos casualizados com tratamentos comuns (EBCTC).

Nas etapas finais do processo de seleção, graças à possibilidade em se empregar maior número de repetições e locais de avaliação, a precisão experimental pode ser aumentada. Nestas etapas, geralmente, emprega-se o delineamento em blocos ao acaso, com arranjo em parcelas subdivididas no tempo (diferentes cortes), segundo modelo citado por Matsuoka, et al. (2005). Assim, quando a precisão experimental tem coeficientes de variabilidade seguros para indicações, após avaliações de pelo menos quatro cortes em diferentes anos e ambientes de cultivo, as cultivares podem, então, ser liberadas comercialmente.

2.2. A espécie *Saccharum spontaneum*

A espécie *Saccharum spontaneum* é uma das cinco espécies principais do gênero *Saccharum* usadas no melhoramento da cultura. Foi uma das espécies que mais colaborou para a produção das cultivares atuais (NAIDU; SREENIVASAN,

1987), e possui uma ampla distribuição através de três zonas geográficas: do Equador até os Himalaias, da Indonésia e do Japão, através do subcontinente indiano e do Mediterrâneo ao nordeste da África (MUKHERJEE, 1957). Há evidências de que a Índia seja, ao mesmo tempo, o centro de origem e o centro de diversidade de *S. spontaneum* (DANIELS; ROACH, 1987).

Possui diversidade genética maior do que a espécie *Saccharum officinarum*, com alto grau de polimorfismo. Seus genótipos podem variar de folhas curtas a longas, aparecendo normalmente folhas estreitas, sem talo, podendo apresentar uma larga estatura, com tipos com mais de 5 m de altura e de 3 a 15 mm de diâmetro do colmo (D'HONT et al., 1996; NASSAR et al., 2010). É bem adaptada a uma diversidade de ambientes, variando de selvas tropicais, desertos, pântanos, e altitudes de mais de 3.000 metros, com temperaturas abaixo de zero (BRANDES et al., 1939; WARNER; GRASSL, 1958; HE et al., 1999). Apresenta vários níveis de euploidia e aneuploidia. Mais de 30 tipos foram relatados com números cromossômicos que variam de $2n = 40$ a 128 (PANJE; BABU, 1960).

Sua contribuição na transmissão de uma série de características importantes para as cultivares da cana moderna, como a adaptação a estresses abióticos, capacidade de rebrota, resistência a doenças e pragas, e vigor em geral, é amplamente reconhecida (PANJE, 1972; ROACH, 1977; WANG et al., 2008). Até o início do século 20, as cultivares de cana cultivadas na maior parte do mundo consistiam principalmente de clones de *S. officinarum*, coletados a partir de Papua Nova Guiné e Indonésia. No início do século 20, foi que os programas de melhoramento iniciaram a utilização de *Saccharum spontaneum*.

Amalraj et al. (2006) citando vários autores, afirmam que a espécie *S. spontaneum* é uma fonte de genes para resistência a doenças, pragas e tem desempenhado um papel importante no desenvolvimento das cultivares modernas de cana. Muitos pesquisadores têm mostrado considerável interesse na coleção, conservação, avaliação e utilização da variabilidade genética dessa espécie.

Um segundo fator motivador para a utilização de *S. spontaneum* nos atuais programas de melhoramento é o seu potencial para geração de novas cultivares de cana moderna, para os futuros sistemas de produção de energia.

De acordo com Wang et al. (2008) a espécie *Saccharum spontaneum* L. não

só contribuiu com traços importantes para as cultivares de cana moderna, como há atualmente o interesse na continuação de sua utilização no melhoramento da cana para os sistemas atuais de produção de etanol e/ou de eletricidade a partir de biomassa. Observa-se em resultados obtidos de seus estudos que a melhor estratégia para se explorar clones de *S. spontaneum* seria: primeiro a espécie deveria ser cruzada com clones comerciais de cana de alto desempenho para todas as características de valor comercial, não havendo vantagem no cruzamento de *S. spontaneum* com a espécie pura de *S. officinarum*, como já foi sugerido em tempos remotos, para os fins atuais; segundo, o alto desempenho de famílias com capacidade para produção de biomassa poderia ser inicialmente identificado com base na amostra de desempenho de 10 a 20 clones por família; e por fim, a avaliação de um grande número de clones individuais pertencentes às famílias selecionadas para características de composição de biomassa poderia ser feita em ensaios de parcela com repetição para avaliação mais precisa da produção.

2.3. Bionergia

Verifica-se, segundo dados estatísticos da ANP (Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis) de 2014, que o consumo geral de combustíveis foi de aproximadamente 134 trilhões de litros no Brasil. Isso representa um aumento de 3,7%, em relação aos 129 trilhões de litros no ano anterior. E um relatório publicado pelo Fórum Econômico Mundial também em 2014, indica que os recursos renováveis fornecem apenas 1,6% da energia total do mundo. E o consumo mundial de energia aumentou 27% do ano 2000 até os dias atuais.

Neste cenário, justifica-se o aumento que vem ocorrendo nos últimos anos em pesquisas com o objetivo de desenvolver fontes alternativas de energia, que possam diminuir ou substituir o uso dos combustíveis fósseis. Além disso, os preços crescentes de petróleo, seus minguantes estoques em todo o mundo, e os efeitos adversos no meio ambiente têm coletivamente contribuído para estudos de geração de energia através de fontes como, estrume animal, biomassa microbiana, biomassa vegetal, resíduos agrícolas, subprodutos agrícolas, etc (FAO, 2000).

Várias espécies vegetais têm sido usadas em programas de melhoramento

focados em bioenergia, como a cana-de-açúcar, o milho, o trigo, a beterraba e a mandioca dentre outros. A maior parte do etanol produzido no mundo deriva de sumo de vegetais contendo sacarose, no Brasil a cana-de-açúcar e o amido de milho nos Estados Unidos (EIA, 2008).

A produção de etanol total para a safra 2014/15 no Brasil, segundo a CONAB (2015), está estimada em 27,62 bilhões de litros. Deste total, 12,55 bilhões de litros deverá ser de etanol anidro e 15,08 bilhões de litros de etanol hidratado. Assim, o etanol anidro terá um acréscimo de 6,11% na produção e o etanol hidratado uma redução de 6,54%, quando comparados com a produção de etanol da safra anterior. Rondônia, Acre, Tocantins, Ceará e Rio Grande do Sul têm seu ATR total destinado à produção de álcool. Destes, Rondônia, Acre, Ceará e Rio Grande do Sul produzem apenas álcool hidratado. A produção de etanol continua concentrada na Região Centro-Sul, com 92,52% do total produzido no país, principalmente em São Paulo (47,56%), Goiás (15,31%), Minas Gerais (9,67%), Mato Grosso do Sul (9,08%), Paraná (6,09%) e Mato Grosso (3,78%). A produção projetada para 2019 é de 58,8 bilhões de litros, sendo mais que o dobro da registrada em 2008. O consumo interno está projetado em 50 bilhões de litros e as exportações em 8,8 bilhões.

Quanto à produção de energia elétrica, o estudo do cultivo de biomassa, especificamente da cana-de-açúcar para esse fim, sob a ótica de produção de energia “limpa”, permitirá ao Brasil uma posição estratégica e privilegiada no cenário mundial. O fato de ser auto-suficiente em termos de geração de energia elétrica para consumo próprio distingue o setor sucroalcooleiro dos outros segmentos de cogeração do país. Isso porque a grande maioria das usinas de açúcar e álcool produz a eletricidade que é consumida nos seus processos. Além disso, é o setor que tem maiores expectativas quanto à geração de excedentes de energia com vantagens ambientais e sociais do uso desse excedente (PRADO, 2005). A cogeração no setor sucroalcooleiro representa uma forma descentralizada de produção de energia, próxima aos centros de consumo (principalmente na área do Centro-Sul), reduzindo custos de transmissão e a perda de energia (GUIMARÃES, 2007; ESCOBAR, 2003), principalmente entre abril e novembro, período em que as usinas fornecem energia elétrica excedente para as distribuidoras, coincidindo com a época de redução de chuvas, quando os níveis dos reservatórios das hidrelétricas

estão mais baixos.

O Ministério de Minas e Energia na Análise de Conjuntura dos Biocombustíveis de 2013 afirma que a partir de um novo modelo do setor elétrico, a energia originária das usinas de biomassa passou a ingressar a matriz energética nacional principalmente através de leilões de energia. O panorama da bioeletricidade no ano de 2013 não divergiu do observado em 2012. A energia advinda das usinas de biomassa de cana continuou participando de forma tímida nos leilões de energia. No entanto, os investimentos direcionados para a bioeletricidade caíram 71% de 2012 para 2013.

O palhiço (material constituído de palhas, folhas verdes, rebolos e ervas daninhas que ficam sobre a superfície do solo, após a colheita mecanizada, quando não é realizada a queimada), pode ser recolhido, transportado até a usina e incorporado ao bagaço na produção de energia elétrica. O palhiço é mais uma fonte de energia renovável abundante, pois um hectare de cana-de-açúcar pode fornecer uma quantidade de palhiço da ordem de 9 a 32 toneladas (considerando-se seu peso em base úmida e em função de variedade, época de colheita, etc) (RIPOLI; 2004), além de ser uma fonte de renda extra para o produtor com a venda. De 40 a 50% poderiam ser utilizados na geração de energia, pois a outra metade, por questões agrônômicas (manutenção da umidade do solo, aumento de matéria orgânica e controle da emergência de plantas daninhas), deveria ficar no campo (ALVES, 2008). Esse palhiço pode ser adicionado ao bagaço, e ambos serem queimados nas caldeiras das usinas e aproveitados como fonte para cogeração de energia elétrica no setor sucroalcooleiro. No entanto, é necessário que estudos sejam realizados, para se conhecer o potencial energético do bagaço e do palhiço a fim de se estimar a proporção ideal dessa mistura, em termos econômicos, que pode ser efetivamente usada como combustível, levando-se também em consideração detalhes operacionais das caldeiras.

2.3.1. Álcool de Segunda Geração

O etanol pode ser produzido tanto pelo caldo da cana-de-açúcar (primeira geração), como também a partir de açúcares derivados de material lignocelulósico

(segunda geração), por hidrólise da parede celular, utilizando-se enzimas, através de tratamentos físicos e químicos (RAGAUSKAS et al., 2006). A eficiência do processo de conversão de lignocelulose ainda não tem se provado ser econômico, mas a segunda geração de etanol é altamente desejada, porque poderia ampliar significativamente a escolha de matérias-primas. Seria então possível utilizar plantas não cultivadas ou frações de biomassa das culturas atuais, que não são usadas na alimentação animal e/ou humana, para a geração de biocombustíveis (TOLLEFSON, 2010).

O diferencial dessa tecnologia é o aproveitamento de bagaço de cana-de-açúcar, o que permite um aumento na produção de até 40% sem necessidade de ampliar a área plantada com cana-de-açúcar.

De acordo com a Petrobrás (2014), em uma planta de demonstração, já foram produzidos 80 mil litros de etanol de segunda geração, que apresentaram a mesma qualidade do etanol convencional. E em junho de 2012, pela primeira vez no Brasil, esse combustível foi utilizado experimentalmente em uma frota com 40 minivans, que transportou conferencistas durante a Rio+20.

A busca pelo etanol de segunda geração é uma corrida tecnológica de oportunidades. No médio e longo prazo, o aprendizado e o consequente aprimoramento dessa nova tecnologia permitirá às empresas dobrar o rendimento de álcool por hectare. O rendimento atual é de 7.000 litros de etanol por hectare de cana, dependendo das condições do canavial.

Na produção de etanol a partir de materiais lignocelulósicos, as celulases são insumos que impactam significativamente no processo, podendo representar até 18% do custo operacional de uma planta (PHILIPPIDIS; HATZIS, 1997). Reduzir os custos de produção das enzimas hidrolíticas e desenvolver processos de fermentação otimizados para a produção de etanol é hoje um dos grandes desafios no processo de produção do álcool de segunda geração.

2.3.2. A Cana-de-Energia

Para que a produção de álcool de segunda geração atinja um patamar economicamente aceitável, além da necessidade do desenvolvimento no processo

tecnológico, reduzindo os custos operacionais da planta, há também a necessidade de investimento e tempo em pesquisas que aumentem a produção de biomassa das culturas a serem utilizadas.

Uma das maneiras de alcançar esse progresso é a utilização de híbridos entre as cultivares já utilizadas e adaptadas de cana-de-açúcar e espécies nativas não cultivadas relacionadas, as quais são fontes de diversidade de germoplasma (NASSAR et al., 2010). Sendo assim, a introdução de novos germoplasmas pode promover o desenvolvimento, o acréscimo de biomassa e a melhoria nas cultivares de cana-de-açúcar atuais (TAI; MILLER, 2001). Para tanto, é necessário conhecer as características morfológicas, anatômicas e bioquímicas das espécies nativas não cultivadas.

Menciona-se que a literatura sobre o assunto é ainda restrita. Embora, alguns países já iniciaram programas focados nessa então denominada “cana energia” (CRESTE et al., 2010) ou “cana-de-energia”, há, ainda, a necessidade da ampliação da base genética e da inclusão de novos acessos do complexo *Saccharum* spp., que apresentem alta capacidade de produção de biomassa para se conseguir alcançar os novos desafios que essa diversificação da matriz energética exige.

Esse novo conceito de cana como fonte de energia, que visa buscar o aproveitamento integral da planta, em antecipação às tecnologias emergentes que permitem a eficiente produção de energia a partir de resíduos celulósicos, tem como princípio básico a utilização de variedades com alta produção de biomassa, dissociado da produção de açúcar, tão visada pela indústria sucroalcooleira desde a época do Brasil colônia (ALBERT-THEENET, 2003).

Em 2007 durante o Congresso sobre a Independência Energética e Lei de Segurança (EISA) realizado nos Estados Unidos, foi definido que pelo menos 136 bilhões de litros de biocombustíveis deveriam ser misturados nos combustíveis fósseis utilizados, até 2022, e que destes, 60 bilhões de litros deveriam ser derivados de fontes celulósicas. No mesmo evento foi colocado que as progênes de cruzamentos a partir de clones comerciais de cana-de-açúcar e a espécie *Saccharum spontaneum* L. teriam um tremendo potencial para a produção de bioetanol e biocombustíveis de segunda geração. E que a cana-de-açúcar cultivada exclusivamente para a produção de energia seria comumente referida como cana-

de-energia. Quando o açúcar não é o principal produto, mas sim a produção de energia. Essa cana-de-energia pode ter um percentual maior de seu peso total em fibra. No entanto, a cana-de-energia pode exigir diferentes práticas culturais e de gestão do que cana-de-açúcar e que por isso, deve ser estudada (SISSINE, 2007).

Acredita-se que a cana-de-energia deveria ter mais vigor do que cana-de-açúcar. Isso, porque a cana-de-energia contém uma maior percentagem de alelos a partir de *S. spontaneum* em relação à *Saccharum officinarum* e às cultivares modernas de cana-de-açúcar. E como citado anteriormente, a espécie *S. spontaneum* é comumente utilizada por melhoristas como fonte de genes para resistência a doenças, capacidade do rebrota, aumento da resistência a fatores abióticos e bióticos, tolerância ao frio; capacidade de aumentar os níveis de tolerância à umidade e utilização mais eficiente dos nutrientes.

Segundo Shapouri et al. (2006), um dos primeiros clones identificado para a produção de fibras foi a cana-de-energia L 79-1002, que é descrita como um genótipo tolerante ao frio. A cultivar foi lançada principalmente devido ao seu alto teor de fibra e rendimento de biomassa, excelente capacidade de rebrota e hábito de crescimento vigoroso (GIAMALVA, 1984; BISCHOFF et al, 2008). É um cruzamento, um híbrido F1, feito em 1974, utilizando a variedade de cana CP 52-68, como parental feminino e a Tainan, um clone de *S. spontaneum*, como progenitor masculino. Nesses Experimentos com esta cana-de-energia observa-se uma ampla gama de adaptabilidade e verifica-se em estudos recentes que a produtividade média da cultivar L 79-1002, em peso úmido, tem sido de 170 Mg ha⁻¹, em comparação com o tradicional CP 65-357, com rendimentos de 50,4 Mg ha⁻¹. Concluiu-se em outro estudo comparando os rendimentos de cana-de-energia e cana-de-açúcar, em várias áreas de cultivo da Flórida e do Alabama, que a L 79-1002 produziu em média 18 Mg ha⁻¹ a mais de fibra que a CP 72-1210, uma cultivar de cana-de-açúcar comumente cultivada no sul da Flórida (BREAUX et al., 1974; TAI et al., 1981, WOODARD; PRINE, 1993).

Quanto às épocas de plantio, Viator e Richard Jr. (2012) sugerem que os produtores devem tentar plantar tanto a cana-de-açúcar quanto a cana-de-energia em agosto, para maximizar os rendimentos. No entanto, se o plantio estiver atrasado a cana-de-açúcar deverá ser plantada em setembro, porque a produção de sacarose

diminuir com o plantio em outubro, enquanto que os rendimentos em fibra foram constantes em plantio tanto de setembro quanto de outubro.

2.4. Modelos Mistos

A metodologia dos modelos mistos tem sido amplamente utilizada para se determinar o valor genotípico em análises de dados no melhoramento genético, e apesar ter sido proposta por Henderson em 1949 e ter sido apresentada pela primeira vez em 1973 (HENDERSON, 1973), passou a ser utilizada na prática a partir da década de 80, devido aos avanços tecnológicos computacionais que permitiram seu uso, conforme descrito por Resende (2004). Uma das principais características que distingue esta metodologia de outros modelos lineares convencionais é a habilidade de prever valores esperados de variáveis aleatórias (LITTELL et al., 2006).

Para se caracterizar um modelo como misto, o mesmo deve possuir um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental (CANDIDO, 2009). Nos experimentos com plantas, em campo, os efeitos dos tratamentos (genótipos) e os efeitos ambientais mensuráveis (parcelas, blocos e outros) podem ser considerados como fixos ou aleatórios (OLIVEIRA, 2007), sendo todos considerados como casos particulares da metodologia de modelos mistos.

De acordo com Arantes (2013) citando Littell et al. (2006), os fatores são aleatórios se eles são usados no estudo para representar uma amostra (idealmente, uma amostra aleatória) de um conjunto maior de níveis em potencial. O fator de efeito correspondente ao conjunto maior de níveis constitui uma população com uma distribuição de probabilidade, ou seja, um fator é considerado aleatório se seus níveis plausivelmente representarem uma população maior com uma distribuição de probabilidade. Efeitos aleatórios, então, representam uma amostragem verdadeira e assume-se haver uma distribuição de probabilidade. Pode-se dizer que os efeitos de genótipos são considerados como aleatórios porque os genes que levaram a formação de tais genótipos são uma amostra verdadeira de todos os genes que pertencem a população e, dessa forma, têm uma distribuição de probabilidade.

Efeitos aleatórios tem uma estrutura de covariância enquanto que os efeitos fixos não a tem. Por exemplo, um parental passa metade do valor genético para suas progênes, que causa uma covariância ou correlação entre os dois. Efeitos genéticos tais como: valores genéticos e desvio de dominância, efeitos de *testcross*, e o efeito de habilidade de combinação geral e específica no melhoramento de populações tem uma estrutura de covariância e são, portanto, considerados aleatórios.

A decisão de que um fator é aleatório ou fixo nem sempre é fácil e pode haver controvérsias. O efeito de blocos e locais ilustram esse ponto. O uso de blocos em experimentos agrícolas frequentemente reflete variação em um campo, assim como num declive com um bloco numa faixa situada no topo dele, um bloco numa faixa logo abaixo e assim por diante até o fim deste declive. Pode-se argumentar que não há nada de aleatório sobre esses blocos. Porém, uma característica adicional de efeitos aleatórios é a permutabilidade (LITTELL et al., 2006).

2.4.1. Melhor Predição Linear não-viesada (BLUP) e Estimador Quadrático Não-Viesado de Variância Mínima (MIVQUE0)

Henderson (1963) chamou o procedimento para medição de valores genéticos usando estimativas de efeitos aleatórios de "Best Linear Unbiased Prediction", ou BLUP. Harville (1976) mostrou que o procedimento de Henderson tinha uma base teórica válida. Ela podia ser justificada como uma extensão do Teorema de Gauss-Markov. Mais recentemente, o uso de preditores baseado em efeitos aleatórios estimados ganhou ampla aceitação e tem sido aplicado em muitos problemas estatísticos. De acordo com Bernardo (2010), BLUP é um procedimento geral que permite comparações entre genótipos desenvolvidos de diferentes populações de melhoramento e avaliados em diferentes conjuntos de ambientes. Permite a análise de dados desbalanceados acumulados de testes de performance.

Na prática, BLUP em programas de melhoramento genético frequentemente envolve a predição simultânea de efeitos genéticos e a estimação de variâncias genéticas e não genéticas. A metodologia de BLUP permite a estimação de

variâncias genéticas dos mesmos dados que são rotineiramente gerados nos programas de melhoramento, por isso evita-se a necessidade por delineamentos de cruzamento (BERNARDO, 2010).

Enquanto o BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) é para prever os valores genotípicos, ordenando os genótipos (progênies) em relação aos atributos avaliados, o MIVQUE0 (Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation) é para estimar parâmetros genéticos. A predição do BLUP presume o conhecimento dos verdadeiros valores dos componentes de variância, entretanto, como isso não é conhecido, na solução via equações de Modelos Mistos, têm sido utilizadas as estimativas destes componentes. Neste caso, dentre os principais procedimentos para estimação dos componentes de variância, destacam-se o REML (Máxima Verossimilhança Restrita) e o método MIVQUE0, com eventuais vantagens para este último (DUARTE et al., 2001).

O MIVQUE0 foi desenvolvido principalmente por Rao (1970, 1971a, 1971b) e Rao (1977) para a estimação de componentes de variância em modelos mistos, e consiste em encontrar o estimador de variância mínima quadrática entre todos os estimadores imparciais, sobre os componentes de variância. Baseiam-se em uma investigação geométrica da covariância estrutura do modelo, que é às vezes chamado de ponto de coordenadas livre de vista (CAUSEUR, 2006).

3. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado no Centro de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), município de Ribeirão Preto – SP, Brasil. A altitude média do local é de 600 metros do nível do mar, com relevo caracterizado como suavemente ondulado. Sua localização geográfica é definida como: latitude 21° 12' 42" S e longitude 47° 48' 24" W. O clima é do tipo tropical com inverno seco, classificado como Aw pelo Sistema Internacional de Classificação de Köppen, com uma pluviosidade média anual de 1.470 mm. No talhão onde foi instalado o experimento, o solo foi classificado como Latossolo Roxo distrófico, bem representativo da região.

Para o primeiro ciclo da cultura (cana planta) foram registrados 1.057 mm e

para o segundo (cana soca) foram 415 mm, de acordo com o Gráfico 1. A temperatura média foi de 22,3 °C de abril de 2011 a fevereiro de 2012 e de 21,8 °C de fevereiro de 2012 a setembro de 2012 (Gráfico 2).

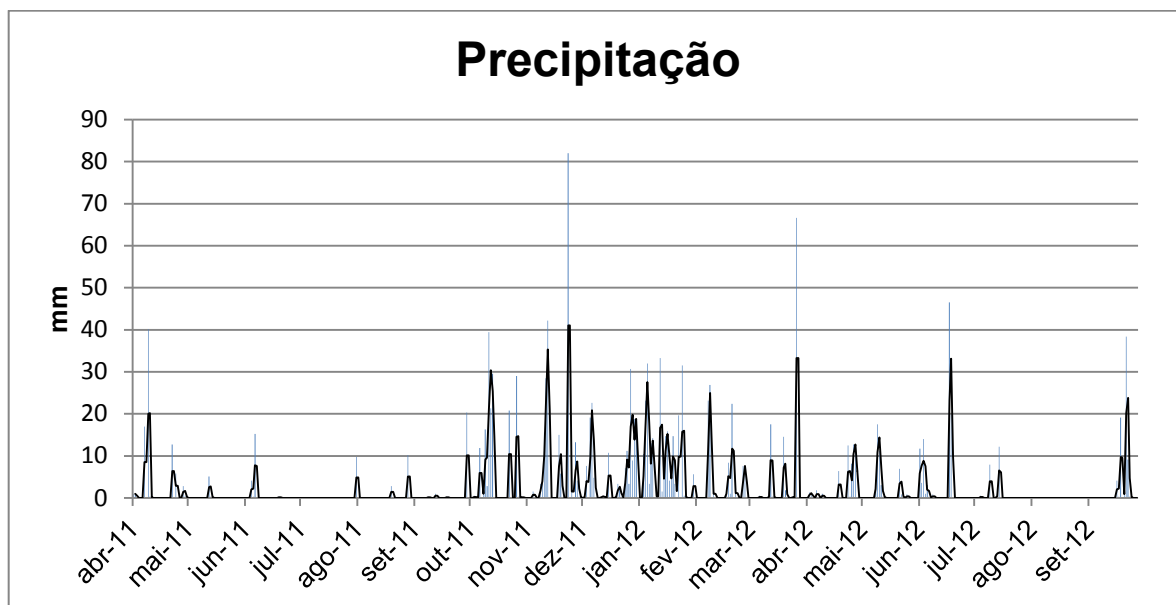


Gráfico 1. Dados de pluviosidade mensal para o período de condução do ensaio de avaliação das progênes de cruzamentos entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar no Centro de Cana do IAC em Ribeirão Preto.

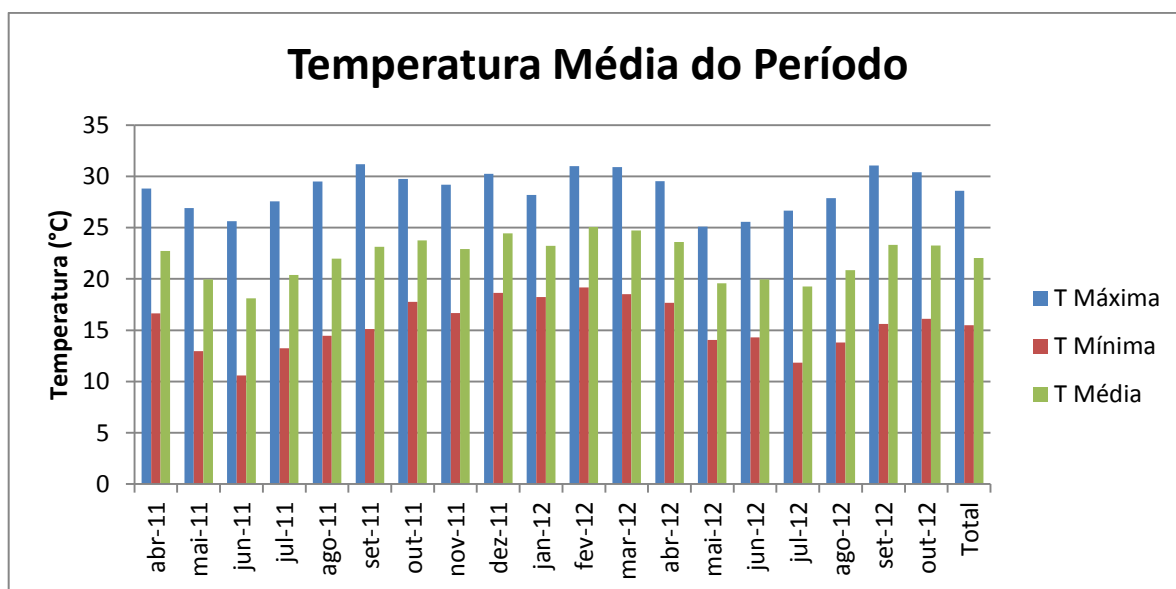


Gráfico 2. Dados de temperatura média, máxima e mínima mensal para o período de condução do ensaio de avaliação das progênes de cruzamentos entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar no Centro de Cana do IAC em Ribeirão Preto.

Foram utilizadas no experimento três populações originadas de três cruzamentos diferentes, sendo um biparental denominado de Família 5002 (RB855465 x GLAGAH) e dois policruzamentos denominados de Família 5006 (NG26011 x ?) e Família 5008 (SE5069 x ?), cedidos ao IAC para pesquisa e desenvolvimento, em que os parentais *S. spontaneum* são GLAGAH, NG26011 e SE5069, e os demais parentais eram cultivares comerciais de cana-de-açúcar (Tabela 1).

Tabela 1. Parentais utilizados nos cruzamentos para obtenção das populações deste estudo.

Família	P. Feminino	Tipo	P. Masculino	Tipo
5002	RB855465	Cana-de-açúcar	GLAGAH	<i>S. spontaneum</i>
5006	NG26011	<i>S. spontaneum</i>	?	Cana-de-açúcar
5008	SE5069	<i>S. spontaneum</i>	?	Cana-de-açúcar

Em que: P. Feminino = parental feminino e P. Masculino = parental masculino.

Os *seedlings*, cedidos ao IAC foram transplantados manualmente em 05 de abril de 2011.

Os tratos culturais foram os usuais em campos de melhoramento, tanto o controle de pragas e plantas infestantes quanto a adubação (LANDELL; BRESSIANI, 2008).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados descrito por Federer (1956), com 9 blocos de 3 parcelas, totalizando 27 parcelas (Figura 1). Cada parcela continha 5 linhas com 10 plantas cada (totalizando 50 plantas por parcela). O espaçamento utilizado foi de 1,50 m entre linhas e entre plantas e 3,00 m de carreador entre os blocos. Utilizou-se 2 linhas da cultivar IACSP95-5000 como bordadura em torno de todo o experimento.

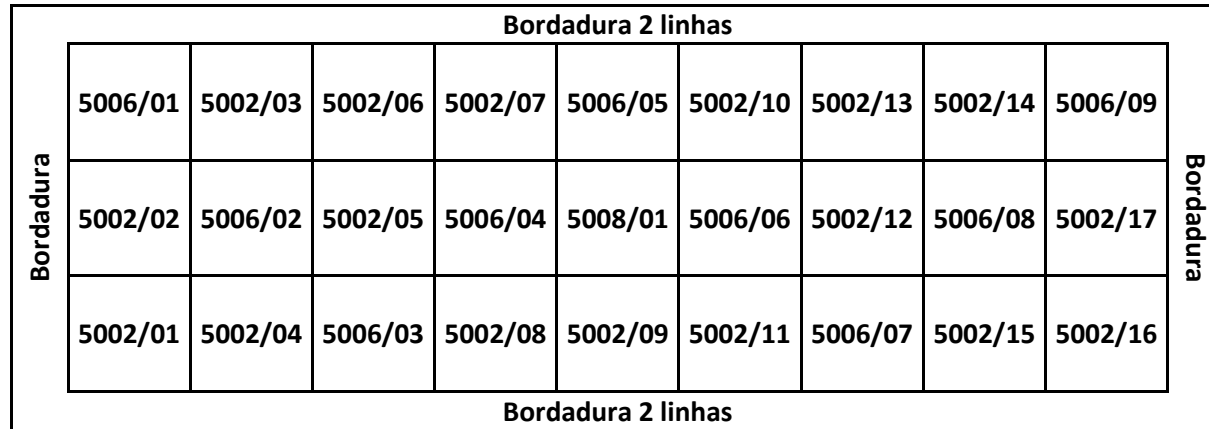


Figura 1. Croqui do experimento de seleção de progênes de cruzamentos entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar para a produção de bioenergia, realizado no Centro de Cana do IAC em que a parte de cima da figura ilustra a distribuição das famílias nos blocos e na parte de baixo cada círculo representa uma planta ou touceira, sendo os círculos cinza, as cultivares padrão.

Como padrão foram utilizadas 5 cultivares comerciais (IACSP95-5000, IACSP95-5094, IAC91-1099, IACSP93-3046 e IACSP94-2101), sendo uma planta de cada cultivar por parcela (sempre a segunda planta de cada linha da parcela). Essas cultivares foram escolhidas por serem adaptadas à região e apresentarem boa performance de rendimento. No total foram 1.350 plantas, sendo 1.215 progênes e 135 cultivares padrão.

As famílias resultantes de policruzamentos foram as que tiveram menos representantes, sendo a Família 5008 com 45 progênes (1 parcela) e a Família 5006 com 405 progênes (9 parcelas), por sua vez a família biparental 5002 contou com 765 progênes (17 parcelas).

Foram realizadas duas avaliações de sobrevivência de plantas, tendo sido iniciadas um mês após o transplântio (nos dias 6 e 20 de maio de 2011). Essas contagens foram transformadas em porcentagem de plantas mortas em relação ao total de plantas de cada família.

A colheita de cana planta foi realizada 10 meses após o plantio, em fevereiro de 2012, e de cana soca aproximadamente 7 meses após o primeiro corte, em setembro de 2012. A colheita foi manual, com utilização de facão (Figura 2), e realizada nas datas citadas acima devido ao porte das plantas, que já estavam bem desenvolvidas, correndo assim o risco de tombamento no caso de ocorrência de ventos, comum na região. Isso atrapalharia a colheita, podendo haver mistura de touceiras e conseqüentemente comprometimento dos resultados obtidos.

Aos 6 meses e em pré-colheita, tanto em cana planta quanto em cana soca, fez-se uma seleção massal visual para FS2 (Fase de Seleção 2), levando-se em consideração o porte da planta, a produção de rizomas, a sanidade, o vigor, a igualdade de maturação da touceira e a produção de biomassa.

Os atributos agrônômicos avaliados foram: biometria (diâmetro de colmos, altura de plantas e número de colmos por touceira) e produção em toneladas de biomassa verde por hectare (TBIOH) em que as plantas foram pesadas individualmente (toda parte aérea) e seu peso foi extrapolado para 1 hectare, considerando-se o espaçamento (1,5 m x 1,5 m) para o cálculo.



Figura 2. Colheita manual do experimento de cruzamento entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar, em cana planta, aos 10 meses, realizado no ano agrícola de 2011/2012 em Ribeirão Preto. Cada touceira foi colhida e pesada individualmente.

Os perfilhos derivados de desenvolvimento rizomático também foram considerados na contagem de colmos. O diâmetro dos colmos foi medido com paquímetro, em 10 colmos representativos da cada touceira, para obtenção de um diâmetro médio. A altura média foi obtida com régua graduada em metros e considerou-se a altura do solo até o primeiro “dewlap” visível (folha +1) da parte representativa da touceira. Já o perímetro da touceira foi obtido com trena comum, graduada em cm, medindo-se a aproximadamente um metro de altura do solo.

Foram realizadas análises tecnológicas somente nas progênies selecionadas visualmente. As variáveis analisadas foram: brix (% caldo da cana), teor de fibra, pureza, pol, açúcar total recuperável (ATR) e umidade. Posteriormente, os dados de teor de fibra foram decompostos por Ogata (2013) estimando-se o valor de celulose, hemicelulose e lignina por hectare para essas progênies.

Para avaliação das características tecnológicas seguiu-se as normas técnicas de determinação da qualidade da cana-de-açúcar, conforme estabelece o Conselho de Produtores de Cana-de-açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (CONSECANA, 2006).

Os dados foram analisados via Modelos Mistos utilizando as metodologias

MIVQUE0 (Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation) e BLUP (Best Linear Unbiased Prediction), em que em que o MIVQUE0 foi usado para estimar parâmetros genéticos e o BLUP para predizer os valores aditivos e genotípicos, ordenando tanto as famílias como os genótipos em relação aos atributos avaliados. Foram obtidas previsões sobre as progênes, variâncias e herdabilidades dos cruzamentos em que os efeitos de progênes foram considerados aleatórios e os demais fixos.

O modelo matemático utilizado foi o descrito por Scott e Milliken (1993), abaixo, com adaptações. Os tratamentos comuns presentes em todos os blocos eram as cultivares e os tratamentos novos, que só aparecem uma vez em cada bloco, eram as progênes a serem avaliadas.

$$y_{ijk} = \mu + b_j + C_i + X_k(C_i) + E_{ijk}$$

Em que b_j denota o efeito de bloco, C_i o efeito do contraste cultivares *versus* progênes, $X_k(C_i)$ denotam os efeitos dos genótipos (cultivares aninhados em C_i + progênes aninhadas em C_i) e E_{ijk} é o resíduo.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o software SAS (SAS INSTITUTE INC., 2010), pelo procedimento PROC GLM, e a estimação dos componentes de variância e efeitos de predição não viesada foram estimados via PROC MIXED.

No SAS, os modelos foram escritos como:

- * HouC = Contrasta cultivares versus híbridos;
- * C(HouC)= Testa igualdade das cultivares
- * H(HouC) = Testa iguldade dos híbridos;

```
PROC GLM;
class BLOCO CRUZAMENTO NPLANTA;
MODEL RESPOSTA = BLOCO CRUZAMENTO NPLANTA(CRUZAMENTO);
LSMEANS CRUZAMENTO/ADJUST=T LINES;
RUN;
```

```

PROC MIXED ;
class BLOCO NPLANTA HouC C H;
MODEL RESPOSTA = BLOCO HouC C(HouC) ;
RANDOM H(HouC)/SOLUTION;
RUN;

```

As famílias foram classificadas por suas médias corrigidas para efeitos de blocos. Além disso, foram classificadas 30 progênies (entre as 3 famílias), pelo valor genotípico de TBIOH, independentemente da família ter sido a melhor. Comparou-se o resultado de classificação das progênies pela análise estatística com a seleção massal visual feita em pré-colheita, tanto em cana planta quanto em cana soca.

Os valores de TBIOH VG (valor genotípico) de cada progênie foram obtidos somando-se a média geral ao desvio predito (BLUP) do modelo misto citado. O TBIOH VF é o valor fenotípico obtido, corrigido pelo efeito do bloco, ou seja, seu valor foi “penalizado” ou “bonificado” de acordo com o bloco em que estavam. Blocos melhores são corrigidos para menos e blocos ruins são corrigidos para mais.

Além disso, as correlações fenotípicas entre os atributos avaliados foram determinadas levando-se em consideração os dados da família biparental (5002) para cana planta (TBIOH, altura das progênies, diâmetro de colmo, número de colmos por planta, número de colmos por metro, brix por refratômetro, perímetro da touceira, diâmetro da touceira, e área ocupada pela touceira) e para cana soca (TBIOH, Número de colmos por metro e perímetro da touceira). Sendo que a área foi determinada pelo raio e este encontrado através do diâmetro, em que $raio(R) = \frac{diâmetro}{2}$, e $área = \pi \times R^2$, e o valor de π considerado foi 3,14. Considerou-se a touceira como circular.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As Famílias 5008 e 5006, cujos cruzamentos foram entre SE5069 e cana-de-açúcar e NG26011 e cana-de-açúcar (policruzamentos) respectivamente, foram as que apresentaram o menor número de indivíduos, esse fato pode ser explicado pela

autofecundação, ou baixa qualidade das sementes geradas, uma vez que foi utilizado *S. Spontaneum* como parental feminino nessas famílias, e/ou ainda, pela diferença no número de cromossomos entre essas espécies gerando um número reduzido de sementes viáveis (SUGANYA et al., 2012).

Na avaliação da porcentagem de sobrevivência das progênes, observou-se 1,3 % de mortalidade para a Família 5006; 1,2 % para a Família 5002; e 0% para a Família 5008. Fato que ocasionou a reposição por outras progênes.

4.1. Seleção Massal Fenotípica

Por meio da seleção massal fenotípica, foram selecionadas 207 progênes em cana planta e outras 119 em cana soca, totalizando 326 progênes selecionadas e levadas por clonagem para a FS2. As plantas selecionadas foram classificadas com alto e médio potencial para produção de biomassa e plantas que apresentavam alguma das características desejáveis (Figura 3), que consistiam em: maturação homogênea da touceira, porte ereto, sanidade, vigor e a produção de biomassa.



Figura 3. Exemplos de planta considerada de alto potencial para produção de biomassa (a), planta com médio potencial para produção de biomassa (b). Selecionadas visualmente para FS2. Foto tirada aos 6 meses após o plantio.

Das progênies selecionadas, 245 foram originadas da Família biparental (5002), em que 101 foram consideradas plantas com alto potencial para produção de biomassa, 16 com médio potencial e 128 que apresentaram alguma das características agronômicas desejáveis. A família que apresentou o menor número de plantas selecionadas foi a Família 5008, com 19 plantas com alguma das características desejáveis. Já na Família 5006 muitas plantas apresentaram desenvolvimento semelhante ao da espécie *S. officinarum* ou seus híbridos. No entanto, 62 plantas dessa família foram consideradas potenciais para o perfil bioenergético com capacidade para serem utilizadas em cruzamentos visando à produção de biomassa. Destas, 42 apresentaram uma característica desejável, 15 apresentaram alto potencial para a produção de biomassa, e 5 com médio potencial (Gráfico 3).

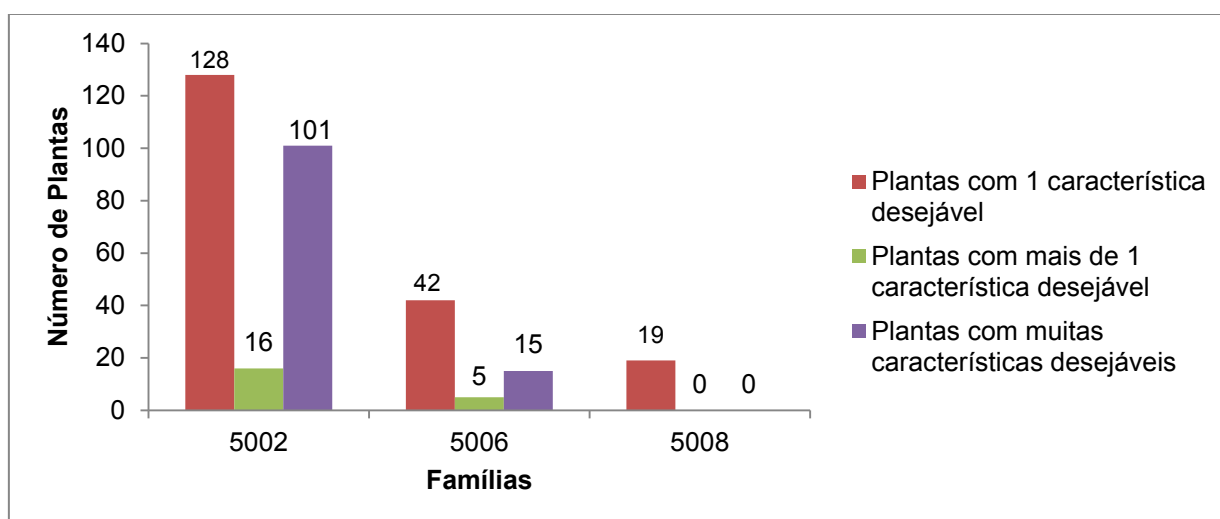


Gráfico 3. Número de genótipos selecionados nas 3 famílias em seleção massal fenotípica, para caracteres agronômicos de cana energia realizadas no ano agrícola 2011/2012, no Centro de Cana do IAC – Ribeirão Preto.

4.2. Resultado das análises por modelos mistos

Analisando a produção de TBIOH, verificou-se diferença significativa entre as médias das famílias testadas e das médias das cultivares padrão, tanto em cana planta, quanto em cana soca (Tabela 2). Sendo que os valores de TBIOH (cana planta e cana soca, respectivamente) para as famílias foram: 83,39 e 151,93 para a

Família 5008; 111,51 e 172,99 para a Família 5006; e 129,75 e 221,29 para a Família 5002. Já as cultivares produziram em média 81,31 e 124,00 toneladas de biomassa por hectare. A cultivar IACSP95-5094 produziu 88,93 e 132,07; a IAC91-1099 produziu 99,87 e 156,96; a IACSP94-2101 produziu 81,11 e 128,38; a IACSP95-5000 produziu 87,01 e 121,11; e a IACSP93-3046 produziu 49,61 e 81,49 TBIOH, sendo que somente esta última diferiu das demais estatisticamente a 5% de probabilidade de acordo com o teste T.

A herdabilidade para TBIOH foi de 0,46 em cana planta e 0,51 em cana soca. Valores um pouco menores do que o encontrado por Carvalho et al. (2012). Esse autor trabalhando com parcelas de 24 plantas, encontrou para o peso total da parcela uma herdabilidade de 0,60 e ao confrontar a seleção massal individual com a seleção de famílias, verificou que o primeiro método de seleção é de menor eficácia para essa característica, pois sua herdabilidade individual no sentido restrito foi de 0,34.

Tabela 2. Teste de médias corrigidas para efeitos de blocos de TBIOH (valores fenotípicos) de 3 famílias de progênies para fins energéticos, cultivadas no ano agrícola 2011/2012, em Ribeirão Preto, em comparação e cultivares comerciais.

Família	Média corrigida Cana Planta (t.ha ⁻¹)	Média corrigida Cana Soca (t.ha ⁻¹)
5002	129,75 a	221,29 a
5006	111,51 b	172,99 b
5008	83,39 c	151,93 bc
Cultivares	81,31 c	124,00 c
$\hat{\mu}$	118,00	196,00
$\hat{\sigma}_e^2$	1856,28	4403,74
$\hat{\sigma}_g^2$	1584,73	4503,57
CV_g	33,73%	32,35%
CV_a	36,51%	31,94%
h^2	0,46	0,51

Em que, 5002: RB855465 x GLAGAH, 5006: NG26011 x ?, 5008: SE5069 x ?; (Família: fêmea x macho); $\hat{\mu}$: média geral do experimento; $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; CV_a : Coeficiente de Variação ambiental; CV_g : Coeficiente de Variação genotípico e h^2 : herdabilidade. Letras iguais na coluna não diferem ($p>0,05$) de acordo com o teste T.

Os dados de plantas individuais apresentaram coeficiente de variação de 35,85% (Tabela 3) para cana planta e 34,38% (Tabela 4) para cana soca. Deve-se ressaltar que há uma ampla variabilidade dentro das famílias, por isso, embora haja diferença significativa entre famílias, há potencial para seleção individual dentro da população de cada família.

Wang et al. (2008) encontraram valores de 178,00 100,00 e 162,00 t.ha⁻¹ de rendimento de cana e 50,90; 34,80 e 49,70 de t.ha⁻¹ de biomassa de colmo, como média de 5% das progênies superiores, oriundas de 43 cruzamentos biparentais entre *Saccharum spontaneum* L. e clones comerciais de cana-de-açúcar, para três diferentes regiões de produção. Segundo os mesmos autores *Saccharum spontaneum* L. tem contribuído com traços importantes para a cana-de-açúcar e principalmente para a “cana energia” a partir do incremento de biomassa no sistema de produção. Tais valores são semelhantes aos encontrados deste trabalho quando se compara os valores de rendimento, embora se obteve valores superiores em cana soca. Por outro lado, Xavier, et al. (2014) encontraram o valor médio de 105,20 de TBIOH, para 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar.

Na Tabela 3 estão apresentados os resultados fenotípicos das avaliações biométricas realizadas em pré-colheita (médias corrigidas para efeito de bloco), das análises tecnológicas das plantas selecionadas visualmente, e dos valores fenotípicos e genotípicos de produção de biomassa (TBIOH), das 30 melhores progênies selecionadas pelo valor genotípico em cana planta. Somente uma progênie da Família 5008 foi classificada, as demais pertencem às Família 5002 (64%) e 5006 (33%). A produtividade variou de 346,67 a 250,67 toneladas de biomassa por hectare (valor fenotípico corrigido) e 221,31 e 176,68 (valor genotípico). Por esses resultados obtidos, justifica-se a seleção entre progênies em detrimento da seleção de famílias, já que todas apresentaram valores superiores tanto às famílias quanto às cultivares.

Tais progênies possuem potencial para servir de genitores disponíveis em bancos de germoplasma como fonte de genes que agreguem produção biomassa.

Tabela 3. Resultado fenotípico da análise biométrica de altura de plantas, diâmetro de colmo, número de colmos, da análise tecnológica (brix, fibra, pureza, AR, umidade, kg ATR/t cana), de produção (TBIOH VF = Valor Fenotípico e TBIOH VG = Valor Genotípico Predito) e número de seleção visual, das 30 melhores progênies classificadas pelo valor genotípico em cana planta, oriundas de progênies de cruzamentos entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar.

Ordem	Cruzamento	Planta	Altura (m)	Diâmetro (mm)	Nº de colmos	Brix % caldo	Fibra	Pureza	Pol % cana	AR	Umidade	kg ATR/ t cana	TBIOH VF	TBIOH VG	Seleção Número
1	5002	51	2,3	22,5	73	9,02	16,02	27,27	1,94	2,13	76,87	37,80	346,67	221,31*	2
2	5002	121	2,3	18,7	65	9,97	19,89	16,95	1,24	2,25	72,79	32,17	308,44	203,70*	10
3	5002	751	2,4	18,0	74	9,98	18,55	17,23	1,30	2,30	73,93	33,13	304,89	201,65*	128
4	5002	1301	2,6	19,2	69	8,59	21,16	15,37	0,95	2,23	72,68	29,23	303,56	200,21*	195
5	5002	1051	2,7	21,0	47	8,10	17,41	5,68	0,35	2,65	76,36	27,36	301,33	199,21*	171
6	5006	406	2,1	16,3	95	7,68	18,84	34,90	2,01	1,83	75,41	35,69	297,78	198,28*	71
7	5002	1321	2,8	19,7	60	8,81	18,79	19,07	1,26	2,24	74,60	32,27	296,44	196,93*	206
8	5006	649	2,1	18,6	69	13,74	19,91	53,86	5,43	1,32	70,00	63,68	288,00	196,02*	269
9	5006	450	2,1	13,9	117	10,60	10,40	59,43	5,48	1,40	80,37	64,87	291,56	195,42*	77
10	5008	684	2,0	12,9	133	13,59	24,60	40,91	3,73	1,50	66,28	49,13	285,33	194,79*	281
11	5002	900	3,0	23,0	49	7,69	16,47	3,77	0,23	2,75	77,51	27,02	289,78	194,69*	139
12	5002	391	2,3	20,3	43	12,48	19,04	37,02	3,45	1,77	71,65	48,86	288,89	194,19*	244
13	5006	441	1,6	17,6	107	8,86	18,36	32,28	2,16	1,92	74,94	37,92	283,56	191,73*	76
14	5006	513	1,8	17,6	85	10,80	20,50	35,28	2,77	1,77	71,66	42,33	278,22	188,69*	95
15	5006	1243	2,7	17,8	54	9,28	18,65	38,47	2,68	1,75	74,37	41,36	276,44	187,72*	182
16	5002	351	2,9	21,9	36	15,37	21,82	59,08	6,43	1,14	67,30	71,60	273,78	187,23*	242
17	5006	521	1,1	15,8	97	9,52	16,95	18,38	1,36	2,33	75,67	34,06	273,78	186,64*	92
18	5002	380	2,8	20,0	55	7,44	15,85	9,14	0,54	2,63	78,26	28,95	272,44	186,61*	65
19	5006	420	2,1	18,2	71	-	-	-	-	-	-	-	269,33	185,18*	NS
20	5002	970	3,0	19,8	45	8,91	16,43	5,27	0,37	2,71	76,59	28,02	261,33	184,54*	159
21	5002	370	1,9	18,3	55	7,06	17,78	14,73	0,79	2,40	76,83	29,25	262,22	181,91*	59

Tabela 3. Continuação...

Ordem	Cruzamento	Planta	Altura (m)	Diâmetro (mm)	Nº de colmos	Brix % caldo	Fibra	Pureza	Pol % cana	AR	Umidade	kg ATR/ t cana	TBIOH VF	TBIOH VG	Seleção Número
22	5002	161	2,9	22,3	42	7,33	14,91	16,92	1,00	2,46	79,19	31,79	254,22	180,12*	18
23	5002	1101	2,2	15,6	74	-	-	-	-	-	-	-	258,67	179,56*	NS
24	5002	1260	2,6	18,8	46	7,94	19,02	16,50	0,98	2,30	75,05	30,09	257,78	179,12*	185
25	5006	170	2,2	18,2	77	8,82	18,01	28,68	1,92	2,02	75,28	36,63	251,56	178,90*	21
26	5002	191	2,4	20,4	39	11,40	18,95	30,18	2,57	1,95	72,53	42,13	251,56	178,90*	221
27	5002	509	1,7	17,9	66	10,37	19,43	32,11	2,47	1,88	72,89	40,53	255,11	178,04*	96
28	5002	1330	2,7	19,8	46	8,85	20,49	20,68	1,33	2,13	73,08	31,93	253,33	177,07*	202
29	5006	110	2,6	18,3	70	11,45	21,62	47,07	3,83	1,44	70,24	49,54	249,78	176,68*	213
30	5002	891	2,0	19,7	62	-	-	-	-	-	-	-	250,67	176,68*	NS
$\hat{\mu}$	-	-	2,15	20,50	32,22	9,24	18,51	27,27	2,17	2,04	74,16	39,16	122,00	118,00	-
$\hat{\sigma}_e^2$	-	-	0,09496	16,85	53,91	3,60	-	-	-	-	-	-	-	1856,28	-
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	0,1129	12,29	453,70	10,46	-	-	-	-	-	-	-	1584,73	-
CV_g	-	-	15,63%	20,02%	66,11%	35,00%	-	-	-	-	-	-	-	33,73%	-
CV_a	-	-	14,33%	17,10%	22,79%	20,54%	-	-	-	-	-	-	-	36,51%	-
CV_t	-	-	14,24%	15,77%	13,21%	20,48%	-	-	-	-	-	-	-	35,85%	-
h^2	-	-	0,54	0,58	0,89	0,74	-	-	-	-	-	-	-	0,46	-
R^2	-	-	0,97	0,98	0,99	0,98	-	-	-	-	-	-	-	0,96	-

Em que, $\hat{\mu}$: média geral dos cruzamentos; $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; CV_a : coeficiente de variação ambiental; CV_g : coeficiente de variação genotípico; CV_t : coeficiente de variação total; h^2 : herdabilidade no sentido amplo; R^2 : coeficiente de determinação do modelo usado; NS: não selecionada, *Significativo a 95% de probabilidade pela análise de variância. Os números de seleção massal em negrito referem-se a plantas que foram selecionadas em cana soca.

Observa-se que das 30 progênies classificadas pelo valor genotípico somente três não estão entre as 326 selecionadas visualmente (seleção massal) e que tiveram a análise tecnológica realizada, o que corresponde a 90% de coincidência. Analisando todos os 326 selecionados, tem-se 37,5% de coincidência com os 326 melhores classificados pelo programa. Ou seja, 122 progênies selecionadas na seleção massal, estão entre as 326 progênies melhores classificadas pela análise feita pelo valor genotípico.

Na análise biométrica das plantas classificadas, a altura variou de 1,1 a 3,0 m, o número de colmos entre 36 a 133 com média de 67 colmos por planta (espaçamento 1,5 x 1,5 m), e o diâmetro dos colmos de 12,9 a 23,0 mm. Já o perímetro das touceiras foi de 3,96 a 1,23 m. Nessas características observa-se um perfil varietal diferente das cultivares comerciais disponíveis no mercado, pois são plantas com um número maior de colmos e colmos mais finos, bem característico da *S. spontaneum*, como relatado por Lourenção et al. (1982), quando encontraram variações de 10,3 a 26,6 mm no estudo de 31 clones dessa espécie em estudo de resistência à *Diatraea Saccharalis*.

Na herdabilidade verifica-se que o número de colmos é o atributo com maior influência genotípica do que ambiental dentre as analisadas. Na análise tecnológica, a % de fibra é uma das variáveis que mais interessam na criação desse novo perfil voltado para a produção de energia, no entanto, é interessante que os genótipos selecionados apresentem também valores significativos de brix para que as progênies possam atender ambas finalidades. Nas progênies classificadas os valores de fibra variaram de 10,40 a 24,60% de cana; o brix do caldo teve uma amplitude de 8,31% variando de 7,06 a 15,37 %. Tai e Miller (2001) encontraram valores que variavam de 3,82 a 16,42 de brix nos clones de *S. spontaneum*, nos seus estudos. Diâmetro de colmos variaram de 14,98 a 77,92 mm, sendo que esse segundo apresentou o maior valor de brix, E conteúdo de fibra de 6,83% a 18,25%, No presente trabalho foram encontrados valores com amplitudes menores,

De acordo com a Tabela 4, 87% das 30 melhores progênies classificadas em cana planta foram também classificadas em cana soca. A taxa de coincidência com a seleção visual foi a mesma de cana planta, ou seja, de 90%. Sendo que os números de seleção em negrito são de plantas que já tinham sido selecionadas em cana

planta. 57% são da Família de biparentais 5002, 37% pertencem à Família 5006, e 7% pertencem à Família 5008,

Os valores de TBIOH para cana soca foram quase 70% superiores aos de cana planta, sendo que a melhor progênie produziu 598,22 e 411,83 toneladas de biomassa por hectare, valores fenotípico e genotípico respectivamente. Essa mesma progênie foi a melhor classificada em cana planta.

Tew e Cobill (2008) relatam que em parcelas experimentais altamente gerenciadas (irrigação e alta fertilização) na Austrália e Havaí foi estudado o potencial de produção de biomassa da cana-de-açúcar. Na Austrália a máxima produção de biomassa para a cultura em base de matéria seca foi estimada em 72 t.ha⁻¹, e o rendimento máximo em peso fresco foi de 201 t.ha⁻¹. No Havaí, em um campo de 60 ha colhidos com 24 meses de idade, o rendimento em peso fresco na colheita foi de 190 t.ha⁻¹ano⁻¹ (OSGOOD; 2003). Há vários países onde os rendimentos de cana se aproximam de 100 t.ha⁻¹ano⁻¹. O rendimento médio mundial de peso fresco de cana-de-açúcar é de aproximadamente 65 t.ha⁻¹ano⁻¹, segundo o autor. Nesses valores verifica-se o potencial das progênies para a composição de um novo perfil mais eficiente na produção de biomassa, em que a média fenotípica foi superior que a média mundial em mais de 200%, produzidos em 7 meses de cana soca (Tabela 4).

O número de colmos aumentou em média, aproximadamente 40% em relação à cana planta, com uma herdabilidade de 89%. Nesses genótipos, verifica-se no número de colmos uma correlação positiva no rendimento, de aproximadamente 33%. O brix médio foi de 10,06% em cana soca e 9,24% em cana planta. A % de fibra passou de 18,51 em cana planta para 18,73% em cana soca. A progênie que apresentou maior valor de fibra foi a classificada como 12, com valor de 24,60% de cana, brix do caldo de 13,59% e produtividade de 339,51 TBIOH (valor genotípico).

O alto valor do coeficiente de variação genotípico se deve à grande variabilidade entre as progênies, principalmente as oriundas dos policruzamentos,

Tabela 4. Resultado fenotípico da análise biométrica de diâmetro de touceira, número de colmos, da análise tecnológica (brix, fibra, pureza, AR, umidade, kg ATR/t cana), de produção (TBIOH VF = Valor Fenotípico e TBIOH VG = Valor Genotípico Predito) e número de seleção visual, das 30 melhores progênes classificadas pelo valor genotípico em cana soca, oriundas de progênes de cruzamentos entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar.

Ordem	Cruzamento	Planta	Diâmetro Touceira (m)	Nº de colmos	Brix % caldo	Fibra	Pureza	Pol		Umidade	kg ATR/ t cana	TBIOH VF	TBIOH VG	Seleção Número
									% cana					
1	5002	51	1,2	93	9,02	16,02	27,27	1,94	2,13	76,87	37,80	598,22	411,83*	2
2	5002	121	1,5	124	9,97	19,89	16,95	1,24	2,25	72,79	32,17	581,33	402,65*	10
3	5002	391	1,2	84	12,48	19,04	37,02	3,45	1,77	71,65	48,86	531,56	372,87*	244
4	5002	751	1,7	103	9,98	18,55	17,23	1,30	2,30	73,93	33,13	522,67	367,85*	128
5	5002	900	0,2	75	7,69	16,47	3,77	0,23	2,75	77,51	27,02	514,67	363,50*	139
6	5006	513	1,4	136	10,80	20,50	35,28	2,77	1,77	71,66	42,33	491,56	350,36*	95
7	5006	441	1,6	138	8,86	18,36	32,28	2,16	1,92	74,94	37,92	488,89	349,67*	76
8	5002	970	1,4	97	8,91	16,43	5,27	0,37	2,71	76,59	28,02	473,78	345,23*	159
9	5006	450	1,5	153	10,60	10,40	59,43	5,48	1,40	80,37	64,87	475,56	342,42*	77
10	5002	170	1,1	112	8,82	18,01	28,68	1,92	2,02	75,28	36,63	464,00	340,90*	21
11	5002	1301	1,3	74	8,59	21,16	15,37	0,95	2,23	72,68	29,23	468,00	339,73*	195
12	5008	684	1,5	70	13,59	24,60	40,91	3,73	1,50	66,28	49,13	461,33	339,51*	281
13	5006	420	1,3	86	-	-	-	-	-	-	-	466,67	337,59*	NS
14	5002	1321	1,5	88	8,81	18,79	19,07	1,26	2,24	74,60	32,27	462,67	336,83*	206
15	5002	370	1,1	104	7,06	17,78	14,73	0,79	2,40	76,83	29,25	450,67	328,89*	59
16	5008	690	2,1	307	8,19	21,84	7,81	0,45	2,39	72,36	25,93	440,44	328,15*	278
17	5002	191	1,0	68	11,40	18,95	30,18	2,57	1,95	72,53	42,13	440,00	327,85*	221
18	5006	521	1,6	125	9,52	16,95	18,38	1,36	2,33	75,67	34,06	449,78	327,64*	92
19	5002	940	1,1	77	14,90	21,23	55,5	5,92	1,24	68,10	67,69	440,89	327,34*	303
20	5002	380	1,2	98	7,44	15,85	9,14	0,54	2,63	78,26	28,95	446,67	326,71*	65

Tabela 4. Continuação...

21	5006	649	1,4	79	13,74	19,91	53,86	5,43	1,32	70,00	63,68	436,44	325,97*	269
22	5006	406	1,1	119	7,68	18,84	34,90	2,01	1,83	75,41	35,69	439,11	322,60*	71
23	5006	1041	1,6	131	-	-	-	-	-	-	-	430,22	321,54*	NS
24	5006	1101	1,1	106	-	-	-	-	-	-	-	432,89	320,12*	NS
25	5006	509	1,6	103	10,37	19,43	32,11	2,47	1,88	72,89	40,53	432,89	318,46*	96
26	5006	1243	1,3	67	9,28	18,65	38,47	2,68	1,75	74,37	41,36	426,67	317,26*	182
27	5002	161	0,8	61	7,33	14,91	16,92	1,00	2,46	79,19	31,79	420,44	317,22*	18
28	5002	351	1	53	15,37	21,82	59,08	6,43	1,14	67,30	71,60	424,89	314,87*	242
29	5006	720	1,7	125	13,19	23,95	51,40	4,61	1,28	67,09	55,44	412,44	312,93*	283
30	5006	1051	1,4	72	8,10	17,41	5,68	0,35	2,65	76,36	27,36	417,78	311,90*	171
$\hat{\mu}$	-	-	0,77	43,68	10,06	18,73	28,40	2,35	2,01	73,76	40,55	202,68	196,00	-
$\hat{\sigma}_e^2$	-	-	0,02	112,18	-	-	-	-	-	-	-	-	4403,74	-
$\hat{\sigma}_g^2$	-	-	0,07	963,98	-	-	-	-	-	-	-	-	4503,57	-
CV_g	-	-	34,71%	71,08%	-	-	-	-	-	-	-	-	32,34%	-
CV_a	-	-	20,30%	24,25%	-	-	-	-	-	-	-	-	31,99%	-
CV_t	-	-	20,58%	17,76%	-	-	-	-	-	-	-	-	34,38%	-
h^2	-	-	0,74	0,89	-	-	-	-	-	-	-	-	0,51	-
R^2	-	-	0,98	0,99	-	-	-	-	-	-	-	-	0,96	-

Em que, $\hat{\mu}$: média geral dos cruzamentos; $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; CV_a : coeficiente de variação ambiental; CV_g : coeficiente de variação genotípico; CV_t : coeficiente de variação total; h^2 : herdabilidade no sentido amplo; R^2 : coeficiente de determinação do modelo usado; NS: não selecionada, *Significativo a 95% de probabilidade pela análise de variância. Os números de seleção em negrito correspondem às progênies que foram selecionadas em cana planta.

4.3. Análise da fibra

Ogata (2013) fez uma caracterização química da fibra do grupo de 207 genótipos selecionados visualmente em cana planta. Nessa caracterização demonstrou-se ampla variabilidade desses genótipos em relação à composição de celulose, hemicelulose e lignina. Sendo que os teores de celulose variaram de 13,07% \pm 0,63 (progênie 1056, seleção 172 da Família 5002) a 54,18% \pm 0,14 (progênie 1282, seleção 191 Família 5002), com valor médio de 44,22; os valores de hemicelulose variaram de 16,71% \pm 0,15 (progênie 865, seleção 142, Família 5002) a 25,97% \pm 0,22 (progênie 450, seleção 77, Família 5006), com média de 21,60 e os de lignina de 17,70% \pm 0,96 (progênie 230, seleção 27, Família 5006) a 27,13% \pm 0,02 (progênie 1088, seleção 166, Família 5002), em média 23,48.

Com os dados obtidos, Ogata (2013) propôs um modelo de classificação dessas plantas em função da composição de fibra. Juntamente, realizou-se um estudo de caso, em que concluiu-se que os genótipos classificados como C1 (>50% de celulose) são os mais indicados para a produção de etanol de segunda geração e polietileno verde. O polietileno verde ou plástico verde é o plástico derivado do etanol de cana-de-açúcar ao invés do petróleo e possui as mesmas características podendo ser usado na fabricação de garrafas de água, de refrigerantes e de sucos, toalhas de mesa; vários tipos de embalagens; sacos plásticos; cortinas para banheiro; películas plásticas; revestimentos de fios, cabos, tubos, brinquedos e utensílios domésticos (FOGAÇA, 2014). Sendo que o genótipo com número de seleção 192 da Família biparental 5002 foi o mais indicado para essa finalidade. Essa progênie, embora não tenha sido classificada pela análise estatística entre as melhores (374º lugar), apresentou valores de TBIOH fenotípicos e genotípicos respectivamente de 153,78 e 132,03 em cana planta e 248,89 e 220,00 em cana soca. Valores estes superiores à média da família.

Quando esses dados de porcentagem foram transformados em toneladas por hectare de celulose, hemicelulose e lignina, observou-se que a progênie com maior valor de toneladas de celulose por hectare foi a que apresentou também maior valor de hemicelulose. Sendo esta a progênie 513 da Família 5006, seleção número 95 com 18,5 t.ha⁻¹ de celulose e 9,25 t.ha⁻¹ de hemicelulose, Já a que apresentou maior

valor de lignina foi a progênie 1301 da Família 5002, seleção número 195, com 10,83 t.ha⁻¹ de lignina (Tabela 5).

A progênie 1056 da Família 5002, número de seleção 172, apresentou menor valor de celulose (3,87 t.ha⁻¹), a progênie 244 da Família 5006, seleção número 22, apresentou menor valor de hemicelulose (2,65 t.ha⁻¹) e de lignina (2,61 t.ha⁻¹).

A progênie 51, da Família 5002, número de seleção 2, foi a melhor em produtividade de cana planta e cana soca (Tabelas 3 e 4), e apresentou 12,43 t.ha⁻¹ de celulose, 6,03 t.ha⁻¹ de hemicelulose e 6,33 t.ha⁻¹ de lignina.

Tabela 5. Resultado dos valores de composição da fibra (celulose, hemicelulose e lignina) dos 207 progênies selecionadas em toneladas por hectare de cada componente, do ensaio de cruzamento entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar realizado no ano agrícola 2011/2012, no Centro de Cana do IAC em Ribeirão Preto.

Ordem	Família	TBIOH Vg	Fibra %cana	%Celulose*	%Hemic,*	%Lignina*	TCeH	THemH	TLigH
1	5006	148,42	15,82	48,24	22,10	21,03	11,33	5,19	4,94
2	5002	222,11	16,02	46,27	20,74	23,83	16,46	7,38	8,48
3	5002	154,97	17,54	42,29	18,07	22,48	11,50	4,91	6,11
4	5002	144,74	16,93	44,59	22,56	21,38	10,93	5,53	5,24
5	5002	137,37	15,84	47,69	23,49	23,46	10,38	5,11	5,10
6	5002	123,44	17,72	41,09	19,53	21,15	8,99	4,27	4,63
7	5002	125,49	18,36	48,59	22,01	23,64	11,20	5,07	5,45
8	5002	159,47	17,89	48,69	22,49	25,08	13,89	6,42	7,16
9	5002	174,62	17,41	43,36	21,87	23,14	13,18	6,65	7,03
10	5002	204,50	19,89	36,07	18,45	23,42	14,67	7,50	9,53
11	5002	143,51	17,54	49,09	23,13	24,76	12,36	5,82	6,23
12	5002	134,71	13,53	49,77	22,87	22,14	9,07	4,17	4,04
13	5002	161,93	16,16	48,48	22,49	22,70	12,69	5,89	5,94
14	5002	161,68	15,68	50,04	23,18	23,70	12,69	5,88	6,01
15	5002	134,67	17,59	48,10	21,14	22,61	11,39	5,01	5,36
16	5002	135,08	15,92	42,23	22,69	23,74	9,08	4,88	5,11
17	5002	128,93	16,5	51,36	24,51	24,34	10,93	5,21	5,18
18	5002	180,92	14,91	50,10	21,77	20,60	13,51	5,87	5,56
19	5002	139,17	16,27	39,99	19,69	20,95	9,06	4,46	4,74
20	5002	140,81	15,24	51,06	23,69	23,83	10,96	5,08	5,11
21	5002	179,70	18,01	40,64	20,72	23,16	13,15	6,71	7,50
22	5006	102,33	12,54	42,73	20,66	20,32	5,48	2,65	2,61
23	5006	165,37	11,74	38,92	21,67	19,30	7,56	4,21	3,75
24	5006	171,71	15,08	47,75	24,59	23,01	12,36	6,37	5,96

Tabela 5. Continuação ...

Ordem	Família	TBIOH Vg	Fibra %cana	%Celulose*	%Hemic,*	%Lignina*	TCeH	THemH	TLigH
25	5006	155,54	17,64	41,58	19,35	18,91	11,41	5,31	5,19
26	5006	156,36	20,15	47,41	23,99	24,12	14,94	7,56	7,60
27	5006	132,62	20,02	41,68	20,75	17,70	11,07	5,51	4,70
28	5006	133,44	19,04	49,28	24,01	23,18	12,52	6,10	5,89
29	5002	154,72	16,48	47,43	24,00	24,41	12,09	6,12	6,22
31	5002	132,62	16,13	38,27	22,27	22,65	8,19	4,76	4,85
32	5002	114,61	17,14	38,27	18,16	19,89	7,52	3,57	3,91
33	5002	142,86	20,49	43,11	20,87	22,08	12,62	6,11	6,46
34	5002	110,92	18,91	46,66	22,72	23,69	9,79	4,77	4,97
35	5002	119,11	15,27	49,32	21,92	23,66	8,97	3,99	4,30
36	5002	115,02	18,73	45,12	22,36	21,67	9,72	4,82	4,67
37	5002	148,59	18,69	47,17	22,65	24,94	13,10	6,29	6,93
38	5002	116,66	19,36	47,76	21,44	23,87	10,79	4,84	5,39
39	5002	168,24	16,7	40,98	22,68	26,01	11,51	6,37	7,31
40	5002	151,45	18,13	47,81	21,03	24,81	13,13	5,77	6,81
41	5002	145,45	18,52	45,28	22,68	22,23	12,20	6,11	5,99
42	5002	121,30	19,71	42,05	21,03	21,77	10,05	5,03	5,20
43	5002	132,76	19,18	38,60	17,84	20,85	9,83	4,54	5,31
44	5002	129,49	16,26	44,37	21,95	21,02	9,34	4,62	4,43
45	5002	103,70	17,18	45,97	23,03	22,45	8,19	4,10	4,00
46	5002	121,71	15,25	53,32	24,17	24,19	9,90	4,49	4,49
47	5002	105,74	22,78	47,03	22,08	25,44	11,33	5,32	6,13
48	5002	116,39	16,84	47,54	23,26	22,90	9,32	4,56	4,49
49	5002	148,73	18,1	45,41	20,08	23,52	12,22	5,41	6,33
50	5002	127,44	21,22	43,08	20,02	20,20	11,65	5,41	5,46
51	5002	127,85	20,81	46,73	22,65	23,80	12,43	6,03	6,33
52	5002	121,30	16,41	49,22	21,5	24,04	9,80	4,28	4,79
53	5002	154,87	17,3	47,59	22,84	22,27	12,75	6,12	5,97
54	5002	136,45	16,46	43,61	21,99	25,45	9,79	4,94	5,72
55	5002	146,88	17,97	46,33	21,28	23,49	12,23	5,62	6,20
56	5002	132,35	18,69	42,90	22,84	25,43	10,61	5,65	6,29
57	5002	140,95	18,57	43,80	20,06	24,97	11,46	5,25	6,54
58	5002	144,43	15,71	44,21	18,84	20,46	10,03	4,27	4,64
59	5002	182,71	17,78	50,55	23,09	24,83	16,42	7,50	8,07
60	5002	156,09	20,7	48,47	23,22	22,97	15,66	7,50	7,42
61	5002	139,72	17,48	46,36	21,42	25,02	11,32	5,23	6,11
62	5002	150,37	19,39	49,90	23,91	23,86	14,55	6,97	6,96
63	5002	109,84	18,46	47,98	22,69	23,58	9,73	4,60	4,78
64	5002	147,91	16,43	42,26	18,87	20,85	10,27	4,59	5,07

Tabela 5. Continuação ...

Ordem	Família	TBIOH Vg	Fibra %cana	%Celulose*	%Hemic,*	%Lignina*	TCeH	THemH	TLigH
65	5002	187,41	15,85	41,48	19,96	24,44	12,32	5,93	7,26
66	5002	155,28	17,38	40,93	23,26	23,64	11,05	6,28	6,38
67	5002	131,53	18,25	43,94	20,36	20,99	10,55	4,89	5,04
68	5002	137,67	19,71	42,42	20,06	20,36	11,51	5,44	5,52
69	5002	133,17	18,9	45,76	21,20	23,27	11,52	5,34	5,86
70	5006	116,80	19,22	42,47	20,49	21,73	9,53	4,60	4,88
71	5006	199,08	18,84	45,05	21,11	20,10	16,90	7,92	7,54
72	5006	107,79	16,8	45,34	22,71	22,30	8,21	4,11	4,04
73	5006	138,08	15,4	40,79	22,62	21,60	8,67	4,81	4,59
74	5006	155,69	14,14	44,09	21,62	22,19	9,71	4,76	4,89
75	5006	149,55	20,3	44,77	21,65	20,71	13,59	6,57	6,29
76	5006	192,53	18,36	36,56	18,07	20,78	12,92	6,39	7,35
77	5006	196,22	10,4	52,23	25,97	24,25	10,66	5,30	4,95
79	5002	169,84	17,18	43,80	19,50	23,70	12,78	5,69	6,92
80	5002	138,73	16,75	45,87	22,66	25,06	10,66	5,27	5,82
81	5002	159,60	19,01	43,81	21,87	24,83	13,29	6,64	7,53
82	5002	140,37	16,04	47,68	22,83	23,29	10,74	5,14	5,24
83	5002	171,89	17,59	46,19	23,48	25,40	13,97	7,10	7,68
84	5002	162,47	16,57	53,97	24,45	22,50	14,53	6,58	6,06
85	5002	151,21	17,46	45,59	20,01	21,95	12,04	5,28	5,80
86	5002	124,40	19,29	45,47	21,05	24,65	10,91	5,05	5,92
87	5002	163,29	18,21	36,52	18,32	24,47	10,86	5,45	7,28
88	5006	132,18	20,18	48,46	22,82	23,06	12,93	6,09	6,15
89	5006	120,72	15,52	47,87	24,45	20,99	8,97	4,58	3,93
90	5006	145,28	20,34	50,22	23,16	23,48	14,84	6,84	6,94
91	5006	152,44	19,62	44,54	23,56	23,38	13,32	7,05	6,99
92	5006	187,44	16,95	48,36	24,58	22,78	15,36	7,81	7,24
93	5006	129,31	16,09	46,30	23,03	22,48	9,63	4,79	4,68
94	5006	132,18	13,09	43,74	22,35	21,82	7,57	3,87	3,78
95	5006	189,49	20,5	47,63	23,82	22,36	18,50	9,25	8,69
96	5006	178,84	19,43	36,63	19,45	25,65	12,73	6,76	8,91
97	5006	117,03	14,01	31,07	19,35	22,26	5,09	3,17	3,65
98	5002	154,28	18,91	47,92	22,24	25,15	13,98	6,49	7,34
99	5002	140,77	16,47	48,22	22,67	23,75	11,18	5,26	5,51
100	5002	133,40	18,92	44,76	22,45	24,99	11,30	5,67	6,31
101	5002	140,37	20,84	46,14	21,66	24,77	13,50	6,34	7,25
102	5002	137,91	14,46	39,56	21,47	24,53	7,89	4,28	4,89
103	5002	160,01	17,61	51,48	20,23	25,31	14,51	5,70	7,13
104	5002	138,73	16,58	35,26	18,71	23,83	8,11	4,30	5,48

Tabela 5. Continuação...

Ordem	Família	TBIOH Vg	Fibra %cana	%Celulose*	%Hemic,*	%Lignina*	TCeH	THemH	TLigH
105	5006	120,68	21,83	44,43	22,43	22,53	11,70	5,91	5,94
106	5006	152,61	21,07	47,93	22,21	23,79	15,41	7,14	7,65
107	5006	110,85	16,47	35,69	19,01	23,78	6,52	3,47	4,34
108	5006	134,60	20,16	42,52	21,45	24,79	11,54	5,82	6,73
109	5006	164,07	16	46,84	23,52	23,84	12,30	6,17	6,26
110	5008	148,93	19,57	44,36	20,89	23,70	12,93	6,09	6,91
111	5008	132,55	20,44	38,21	20,91	22,76	10,35	5,67	6,17
112	5008	160,80	18,43	48,46	21,6	25,18	14,36	6,40	7,46
113	5008	133,37	22,48	51,09	24,18	22,57	15,32	7,25	6,77
114	5008	157,52	19,51	37,12	19,83	23,99	11,41	6,09	7,37
115	5008	164,48	20,82	47,91	22,52	22,62	16,41	7,71	7,75
116	5008	132,55	22,26	49,44	23,04	24,13	14,59	6,80	7,12
117	5002	146,06	19,51	49,10	24,46	24,18	13,99	6,97	6,89
118	5002	155,06	18,1	44,67	21,21	25,35	12,54	5,95	7,11
119	5002	127,23	17,94	48,22	22,42	26,43	11,01	5,12	6,03
120	5002	157,93	16,04	39,84	20,18	23,96	10,09	5,11	6,07
121	5002	164,48	15,19	40,09	22,96	25,93	10,02	5,74	6,48
122	5002	132,96	16,23	41,29	21,91	24,93	8,91	4,73	5,38
123	5002	154,86	16,01	50,82	21,81	24,30	12,60	5,41	6,02
124	5002	157,83	17,93	49,96	23,59	23,84	14,14	6,68	6,75
125	5002	143,50	18,2	44,85	23,33	21,21	11,71	6,09	5,54
126	5002	140,63	18,98	38,75	23,08	22,59	10,34	6,16	6,03
127	5002	151,69	17,87	29,24	17,97	24,49	7,93	4,87	6,64
128	5002	202,45	18,55	44,31	21,41	23,93	16,64	8,04	8,99
129	5002	171,74	18,09	50,73	23,34	21,95	15,76	7,25	6,82
130	5002	142,68	18,46	34,73	18,50	25,25	9,15	4,87	6,65
131	5006	132,86	15,4	46,51	22,54	22,17	9,52	4,61	4,54
132	5006	155,37	20,14	47,74	22,86	24,12	14,94	7,15	7,55
133	5006	150,46	22,03	39,47	22,74	24,45	13,08	7,54	8,10
134	5006	134,08	23,67	46,54	24,26	23,05	14,77	7,70	7,32
135	5006	136,95	13,44	45,22	21,51	22,21	8,32	3,96	4,09
136	5002	159,06	18,41	27,58	17,56	25,61	8,08	5,14	7,50
137	5002	148,82	17,33	47,10	24,45	24,81	12,15	6,31	6,40
138	5002	120,98	16,27	48,50	22,57	25,70	9,55	4,44	5,06
139	5002	195,49	16,47	31,36	18,90	23,75	10,10	6,09	7,65
140	5002	124,06	19,52	43,24	20,45	23,35	10,47	4,95	5,65
141	5002	157,83	17,64	49,23	24,30	20,32	13,71	6,77	5,66
142	5002	147,18	18,98	29,28	16,71	24,75	8,18	4,67	6,91
143	5002	116,48	18,1	46,02	21,86	24,54	9,70	4,61	5,17

Tabela 5. Continuação...

Ordem	Família	TBIOH Vg	Fibra %cana	%Celulose*	%Hemic,*	%Lignina*	TCeH	THemH	TLigH
144	5002	168,88	14,88	48,53	24,47	23,94	12,20	6,15	6,02
145	5002	134,58	15,39	51,69	21,82	23,78	10,71	4,52	4,93
146	5002	154,23	18,58	49,30	22,20	25,80	14,13	6,36	7,39
147	5002	143,58	17,53	45,35	20,25	24,68	11,41	5,10	6,21
148	5002	132,73	15,59	36,61	18,85	26,47	7,58	3,90	5,48
149	5002	161,60	17,51	46,37	23,26	24,51	13,12	6,58	6,94
150	5002	128,44	17,14	49,60	22,48	23,87	10,92	4,95	5,25
151	5002	143,17	17,97	31,85	20,92	25,80	8,19	5,38	6,64
152	5002	135,81	18,16	39,73	20,15	23,45	9,80	4,97	5,78
153	5002	108,79	17,51	43,05	20,03	24,39	8,20	3,82	4,65
154	5002	152,18	16,76	44,03	21,22	24,90	11,23	5,41	6,35
155	5002	134,58	20,62	46,70	22,25	23,22	12,96	6,17	6,44
156	5002	113,29	20,09	46,63	21,48	23,70	10,61	4,89	5,39
157	5002	152,18	17,99	46,68	23,43	26,23	12,78	6,41	7,18
158	5002	157,09	17,81	48,32	20,82	25,16	13,52	5,83	7,04
159	5002	185,34	16,43	48,58	22,01	24,36	14,79	6,70	7,42
160	5002	140,71	18,73	34,52	18,06	23,87	9,10	4,76	6,29
161	5006	148,08	21,56	46,47	22,63	22,46	14,84	7,23	7,17
162	5006	134,17	18,96	46,54	21,97	25,87	11,84	5,59	6,58
163	5006	160,78	13,69	45,67	22,65	22,72	10,05	4,99	5,00
164	5006	159,14	19,38	46,09	21,84	22,89	14,21	6,74	7,06
165	5006	151,77	22,77	47,28	24,06	23,25	16,34	8,31	8,03
166	5002	160,71	19,07	40,57	20,07	27,13	12,43	6,15	8,31
167	5002	141,88	17,17	31,69	17,40	23,23	7,72	4,24	5,66
168	5002	112,40	15,82	47,26	21,87	21,70	8,40	3,89	3,86
169	5002	134,92	21,97	42,00	20,58	20,80	12,45	6,10	6,17
170	5002	110,36	20,89	48,00	21,96	22,97	11,07	5,06	5,30
171	5002	200,01	17,41	44,13	22,15	22,99	15,37	7,71	8,01
172	5002	168,08	17,63	13,07	22,16	23,26	3,87	6,57	6,89
173	5002	137,78	19,59	48,33	22,70	24,59	13,04	6,13	6,64
174	5006	170,94	20,08	29,56	20,32	22,21	10,15	6,97	7,62
175	5006	117,32	15,27	31,72	19,13	24,60	5,68	3,43	4,41
176	5006	125,09	22,36	37,97	20,87	24,60	10,62	5,84	6,88
177	5002	123,86	18,70	48,65	23,40	24,74	11,27	5,42	5,73
178	5002	116,50	17,26	46,36	22,38	25,26	9,32	4,50	5,08
179	5002	161,12	19,10	37,32	19,31	23,94	11,48	5,94	7,37
180	5002	162,75	21,81	44,99	22,41	22,33	15,97	7,95	7,93
181	5006	157,41	14,16	47,02	23,83	24,23	10,48	5,31	5,40
182	5006	188,52	18,65	38,95	22,21	23,20	13,69	7,81	8,16

Tabela 5. Continuação...

Ordem	Família	TBIOH Vg	Fibra %cana	%Celulose*	%Hemic,*	%Lignina*	TCeH	THemH	TLigH
183	5006	138,98	13,66	41,28	22,43	22,85	7,84	4,26	4,34
184	5006	127,93	13,45	46,42	21,77	23,67	7,99	3,75	4,07
185	5002	179,92	19,02	41,44	20,22	23,95	14,18	6,92	8,20
186	5002	159,86	15,42	44,91	22,02	24,00	11,07	5,43	5,92
187	5002	167,23	18,79	43,30	20,97	23,67	13,61	6,59	7,44
188	5002	169,28	18,54	42,27	19,53	20,56	13,27	6,13	6,45
189	5002	175,83	17,96	37,97	17,47	22,34	11,99	5,52	7,05
190	5002	135,30	16,8	44,47	21,69	24,27	10,11	4,93	5,52
191	5002	151,27	16,15	54,18	22,35	22,78	13,24	5,46	5,57
192	5002	132,03	17,04	45,02	22,23	21,82	10,13	5,00	4,91
193	5002	112,58	17,95	48,09	21,69	24,62	9,72	4,38	4,98
194	5002	147,58	17,44	36,74	19,27	26,24	9,46	4,96	6,75
195	5002	201,01	21,16	24,47	17,08	25,47	10,41	7,26	10,83
196	5002	163,34	19,28	41,96	20,06	25,14	13,21	6,32	7,92
197	5002	123,43	20,27	38,54	18,65	24,37	9,64	4,67	6,10
198	5002	129,57	17,09	48,23	24,46	24,55	10,68	5,42	5,44
199	5002	154,54	16,38	27,70	17,88	24,07	7,01	4,53	6,09
200	5002	157,41	19,78	48,68	22,60	25,54	15,16	7,04	7,95
201	5002	155,77	17,67	46,97	22,86	24,29	12,93	6,29	6,69
202	5002	177,87	20,49	44,64	21,34	23,79	16,27	7,78	8,67
203	5002	129,16	19,58	45,78	22,07	24,44	11,58	5,58	6,18
204	5002	156,38	20,55	47,88	23,43	24,97	15,39	7,53	8,02
205	5002	113,19	21,16	35,76	18,62	23,27	8,57	4,46	5,57
206	5002	197,73	18,79	42,22	19,34	22,18	15,69	7,19	8,24
207	5002	149,22	19,71	45,76	22,97	21,74	13,46	6,76	6,39

Em que TBIOH Vg = Toneladas de Biomassa por Hectare, valor genotípico. TCeH = toneladas de celulose por hectare, THemH = toneladas de hemicelulose por hectare, e TLigH = toneladas de lignina por hectare,

*Os dados em %Celulose, %Hemicelulose, %Lignina foram extraídos do trabalho realizado por Ogata (2013).

4.4. Correlação entre os atributos

Na análise de correlação entre os atributos de cana planta (Tabela 6) observa-se que a produtividade (TBIOH) teve correlação significativa com todos os outros atributos, sendo que a maior, é entre a produtividade e o número de colmos, com valor de 70%.

As únicas correlações negativas foram entre o número de colmos por metro

(NCm) e o diâmetro de colmos (DC), o número de colmos (NC) e o diâmetro de colmos (DC), e o número de colmos por metro (NCm) e a altura (ALT), e sendo esta última não significativa. O que é bem coerente, pois podia se observar em campo que as progênies que possuíam os colmos mais grossos, eram também as que apresentavam menor número de colmos,

Tabela 6. Resultado da análise de correlação entre os atributos avaliados em cana planta, em que TBIOH (Toneladas de Biomassa por hectare), ALT (altura das touceiras), DC (diâmetro médio dos colmos das progênies), NC (número de colmos das progênies), NC (m) (número de colmos por metro), Brix (°Brix no refratômetro), PT (perímetro da touceira), DT (diâmetro das touceiras) e AR (área ocupada pela touceira), do ensaio de cruzamento entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar, realizado no ano agrícola de 2011/2012 no Centro de Cana do IAC em Ribeirão Preto.

	TBIOH	ALT	DC	NC	NC (m)	Brix	PT	DT
TBIOH								
ALT	0,15711*							
DC	0,24513*	0,13772*						
NC	0,70294*	0,0451	-0,1958*					
NC (m)	0,33047*	-0,0353	-0,2945*	0,71561*				
Brix	0,09295*	0,0138	0,03103	0,06724	0,02353			
PT	0,68695*	0,17823*	0,03381	0,66404*	0,03295	0,07312*		
DT	0,68723*	0,17893*	0,035	0,66346*	0,03226	0,0727*	0,99992*	
AR	0,67098*	0,14904*	0,02012	0,65718*	0,0416	0,06746	0,98273*	0,98255*

Valores seguidos de * foram significativos a 5% de probabilidade, pelo teste T,

Para cana soca, nem todos os atributos foram medidos, mas as correlações encontradas foram bem semelhantes com os valores de cana planta. A maior correlação encontrada foi entre TBIOH e o perímetro da touceira da progênie com valor positivo de 69,7% e o diâmetro da touceira com 68,6%. (Tabela 7).

As menores correlações foram entre diâmetro médio dos colmos e número de colmos de 3% e o perímetro da touceira e número de colmos de 4%, ambas não significativas.

A correlação entre TBIOH e número de colmos por metro foi de 32,4%, significativa, e muito parecida com o valor encontrado em cana planta, que foi de 33,0% (Tabela 6). Ambos os valores são menores que a correlação entre TBIOH e o número de colmos. Isso se explica pelo desenvolvimento desses genótipos ser “espalhado”, apresentando bastante perfilhos de desenvolvimento rizomático.

Tabela 7. Resultado da análise de correlação entre os atributos avaliados em cana soca, em que TBIOH (Toneladas de Biomassa por hectare), NC (m) (número de colmos por metro), PT (perímetro da touceira) e DT (diâmetro das touceiras), do ensaio de cruzamento entre *Saccharum spontaneum* e cana-de-açúcar, realizado no ano agrícola de 2011/2012 no Centro de Cana do IAC em Ribeirão Preto.

	TBIOH	NC(m)	PT
NC (m)	0,32377*		
PT	0,69777*	0,04025	
DT	0,68651*	0,03222	0,9999*

Valores seguidos de * foram significativos a 5% de probabilidade, pelo teste T,

5. CONCLUSÕES

No presente estudo conclui-se que:

1. A seleção individual foi mais vantajosa para ganhos de produtividade de biomassa, em detrimento da seleção por família. A espécie *Saccharum spontaneum* é uma boa fonte de genes que agregam produtividade de biomassa, e sua utilização como parental masculino apresentou maior número de progênies superiores.
2. Há genótipos entre as progênies selecionadas com significativo potencial para produção de etanol de segunda geração e polietileno verde. Sendo a progênie 51 da Família 5002, seleção número 2, a melhor em produtividade (TBIOH), tanto em cana planta quanto em cana soca, e a progênie 513 da Família 5006, seleção número 95, a melhor em produção de celulose e hemicelulose.
3. As progênies selecionadas são compatíveis tanto para serem utilizadas em usinas de álcool de segunda geração e produção de polietileno verde, quanto para servirem de acesso em bancos de germoplasma e utilizados como genitores em novos cruzamentos.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBERT-THEENET J. R. Fuel cane for the production of electricity in Barbados. **Proceedings...** Barbados society of technologists in agriculture. 2003.
- ALVES, A. F. **Utilização do bagaço de cana-de-açúcar para a produção de energia**, PUBVET: Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia, Londrina, v. 2, n. 29, 2008. Disponível em: <<http://www.pubvet.com.br/texto.php?id=286>>. Acesso em: 20 dez. 2014.
- AMALRAJ, V. A.; BALAKRISHNAN, R; JEBADHAS, A. W.; Balasundaram, N.. Sugarcane Breeding Institute, Indian Council Of Agricultural Research, Coimbatore-641007, India; Constituting a core collection of *Saccharum spontaneum* L. and comparison of three stratified random sampling. **Genetic Resources and Crop Evolution**. v. 53, p. 1563–1572, 2006. DOI 10.1007/s10722-005-8510-5.
- ANP - Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis. **Biocombustíveis, Gás Natural, Petróleo e seus Derivados**. Brasília, 2014. Disponível em <http://www.anp.gov.br/?id=470>. Acesso em: 10 de janeiro de 2015.
- ARANTES, F.C. **Interação Genótipo X Ambiente, Adaptabilidade e Estabilidade em Genótipos de Cana-de-Açúcar**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade do Estado de São Paulo, UNESP, Jaboticabal, 105 p., 2013.
- ARRUDA, S.C. A história das grandes epifitias da cana-de-açúcar. **O biológico**. v.7. p.313-318. 1941.
- BARBER, C.A.: Proc.I.M.P. **Sugarcane Res. Conf.**, London, 1931.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. **Estratégias de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar em Universidades**. In: IX Simpósio sobre seleção recorrente. Lavras: UFLA, ago. 2005.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**, 2nd edition, Minnesota, 390 p., 2010.
- BISCHOFF, K.P.; GRAVOIS, K.A.; REAGAN, T.E.; HOY, J.W.; KIMBENG, C.A.; LABORDE, C.M.; HAWKINS, G.L. Registration of L 79-1002 Sugarcane. **J. Plant Reg.**, V. 2, n. 3, p. 211-217, 2008.
- BISWAS, B.C. Agroclimatology of the sugar-cane crop. Geneva, World Meteorological Organization, 90p. **Technical note**, 193. WMO, 703, 1988.
- BRANDES, E.W., G.B. SARTORIS, AND C.O. GRASSL. Assembling and evaluating

- wild forms of sugarcane and related plants. **Proc. Int. Soc. Sugar Cane Technol.** v. 3 p.408–415, 1939.
- Breaux, D. Selecting commercial sugarcane varieties from large seedling and clonal populations **Proc. Am. Soc. Sugarcane Technol.**, v. 2, pp. 58–66, 1972.
- BREMER, G. Problems in breeding and cytology of sugarcane. **Euphytica**, v.10, p.59-78, 1961.
- 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.
- BROWN, J.S., SCHNELL, R.J., POWER, E.J., DOUGLAS, S.L. AND KUHN, D.N. Analysis of clonal germplasm from five *Saccharum* species: *S. barberi*, *S. robustum*, *S. officinarum*, *S. sinense* and *S. spontaneum*. A study of inter- and intra species relationships using microsatellite markers. **Genet. Res. Crop Evol.** 54, 627–648, 2007.
- CANAOSTE – Associação dos Plantadores de Cana do Oeste do Estado de São Paulo – **Melhoramento Genético da Cana de Açúcar**. Disponível em: <http://www.canaoeste.com.br/conteudo/visita-aos-centros-de-producao-de-sementes-de-cana-de-acucar-dos-programas-de-melhoramento-genetico>, de 24/04/2013. Acesso em: 29 jan. 2015.
- CANDIDO, L.S. **Modelos Mistos na Avaliação e Ordenação Degenótipos de Cana-De-Açúcar, com e seme feitos de Competição com Parcelas Vizinhas**. 2009. 93 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade do Estado de São Paulo (UNESP), Jaboticabal, 2009.
- CARVALHO, I.D.E.; da Silva, J.V.T.; Dorvillé, L.M.F.; Costa, K.D.S.; da Silva, J.P.; da Silva, J..W. Escolha de famílias em cana-de-açúcar via Modelos Mistos In: 64ª Reunião Anual da SBPC - ISSN 2176-1221. **Anais eletrônico...**São Luiz, 2012. Disponível em: <http://www.sbpcnet.org.br/livro/64ra/resumos/resumos/2989.htm>. Acesso em 01 fev. 2015.
- CAUSEUR, D.MIVQUE and Maximum Likelihood Estimation for Multivariate Linear Models with Incomplete Observations. **The Indian Journal of Statistics**. Volume 68, Part 3, pp. 409-435, 2006.
- CAVALCANTI, CJC. **Estimativas de parâmetros genéticos de alguns caracteres agrícolas da cana de açúcar (*Saccharum spp.*)**. 128p. Diss. Dissertação de Mestrado em Botânica–Melhoramento Genético de Plantas. Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 1990.
- CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. – v. 1 – Brasília : Conab, 2013. Disponível

em: <http://www.conab.gov.br>. ISSN 2318-7921. Acesso em: 15 out 2014.

CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar, terceiro levantamento, dezembro de 2014**. Brasília: Conab, 2014. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. ISSN 2318-7921. Acesso em 10 jan 2015.

CONSECANA, Conselho dos Produtores de Cana-De-Açúcar, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo. **Manual de Instruções**. Piracicaba: Consecana, 2006. 112p.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Eds.) *Manual of cane growing*, Bureau of sugar experiment stations. 436p. 2000.

CRESTE, S.; PINTO, L. R.; XAVIER, M. A.; LANDELL, M. G. A. **A importância do germoplasma no desenvolvimento de cultivares de cana-de-açúcar com perfil agroenergético**. In: Luis Augusto Barbosa Cortez. (Org.). *Bioetanol de cana-de-açúcar: P&D para produtividade e sustentabilidade*. 1 ed. São Paulo: Blucher, 2010, p. 313-317.

CRESTE, S.; PINTO, L. R.; XAVIER, M. A.; LANDELL, M. G. A. A importância do germoplasma no desenvolvimento de cultivares de cana-de-açúcar com perfil agroenergético. In: Luis Augusto Barbosa Cortez. (Org.). **Bioetanol de cana-de-açúcar: P&D para produtividade e sustentabilidade**. 1 ed. São Paulo: Blucher, p.313-317, 2010.

DANIELS, J.; ROACH, B.T. 1987. Taxonomy and evolution. p.7-84. In Heinz, D.J. (ed.) **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, Amsterdam.

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; RAO, S.; BERDING, N.; GLASZMANN, J.C. Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. **Mol Gen Genet** n. 250 p.405-413, 1996.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY R.; DIAS C. T. DOS S. Estimadores de componentes de variância em delineamento de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesq. Agropec. Bras.** v.36, n. 9, p. 1155-67, 2001. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/50100-204x2001000900009>.

EIA, Energy Information Administration. *Energy Information Administration Annual Energy Review 2007*. US Department of Energy, Washington, DC, 2008.

EISENBERG, P.L. *Modernização sem mudança: A indústria açucareira em Pernambuco, 1840/1910*. Editora Paz e Terra. Campinas. 294p. 1977.

ESCOBAR, M. R. Viabilidade econômico-financeira da energia co-gerada do bagaço de cana in natura. **Informações Econômicas**, São Paulo, v. 33, n. 9, p. 14-27, 2003.

- ETHIRAJAN, A.S. Sugarcane hybridization techniques. In: Coopersucar Int. Sugarcane Breeding Workshop. São Paulo: **Copersucar**. p. 129-147. 1987.
- FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations. Agroenergia da Biomassa Residual: Perspectivas energéticas, socioeconómicas e ambientais – Brazil. Disponível em https://www.fao.org.br/download/agroenergia_biomassa_residual251109.pdf.
- FEDERER, W.T. Augmented (or Hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Rec.** v.55. p.191-208. 1956.
- FERREIRA, A.; BARBOSA, M.H.P; CRUZ, C.D.; HOFFMANN, H.P.; VIEIRA, M.A.S.; BASSINELO, A.M.; SILVA, M.F. Repetibilidade e número de colheitas para seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.40. n.8. p.761-767. 2005.
- FOGAÇA, J. Plástico Verde. In: Escola Brasil, 2014. Disponível em: <http://www.brasilecola.com/quimica/plastico-verde.htm>. Acesso em: 20 mar. 2015.
- GIAMALVA, M.J.; CLARKE, S.J; STEIN, J.M. **Sugarcane hybrids of biomass. Biomass**, v. 6, p. 61-68, 1984.
- GOMES, F. P.; LIMA, U. A. A cana-de-açúcar no mundo. In: cultura e adubação de cana-de-açúcar. Instituto brasileiro de potassa. São Paulo. p. 11-26. 1964.
- GUIMARÃES, O. Eletricidade vegetal. **O Sulco**, Horizontina, v. 112, n. 27, p. 6-9, 2007.
- HAMMOND, B. W. *Saccharum spontaneum* (Gramineae) in Panama: The physiology and ecology of invasion. **Journal of Sustainable Forestry**, v.8, n.3-4, p.23-38, 1998.
- HARVILLE, D. A. "Extension of the Gauss-Markov Theorem to Include the Estimation of Random Effects." **Annals of Statistics** 2:384–395, 1976.
- HE, S. Q.; YANG, F.; XIAO, F.; ZHANG, L.. Collection and description of basic germplasm of sugarcane (*Saccharum* complex) in China. **Int. Sugar J.** v. 101, n. 84, p.93. 1999.
- HENDERSON, C. R. Selection Index and Expected Genetic Advance. In: **Statistical Genetics and Plant Breeding**, ed. W. D. Hanson and H. F. Robinson, 141–163. Washington, DC: National Academy of Sciences and National Research Council, Publication No. 982, 1963.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J.LUSH. American Society of Animal Science, Champaign, Ill. p.10-41. 1973.

- HOGG, R.V.; CRAIG, A.T. **Introduction to mathematical statistics**, 2^a ed., New York, Macmillan Co., 1965. 388 p.
- JACKSON, P.A. Breeding for improved sugar content in sugarcane, **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 92, n. 2-3, p. 277-290, 2005.
- JUNQUEIRA, A.A.B.; DANTAS, B. A cana-de-açúcar no Brasil. In: Malavolta, E. et al. (eds). **Cultura e adubação da cana-de-açúcar**. São Paulo: Instituto Brasileiro de Potassa. p.27-60. 1964.
- KIMBENG, C.A.; COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in australia: a review. **Journal American Societ y of sugarcane Technologists**. v.23. p.20-39. 2003.
- KUMAR, C. A. S.; Varadharajan, R; Muthumani, P.; Meera, R.; Devi, P.; Kameswari, B.. Psychopharmacological studies on the stem of *Saccharum spontaneum*. **International Journal of Pharm Tech Reserch**, Coden (USA): IJPRIF. v.2, n.1, p.319-321, 2010.
- LANDELL, M.G.A.; SILVA, M.A. As estratégias de seleção da cana em desenvolvimento no Brasil. **Visão Agrícola**, Piracicaba, v. 1, p. 18-23, 2004.
- LANDELL, M.G.A.; BRESSIANI, J.A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: Dinardo-Miranda, L.L.; Vasconcelos, A.C.M.; Landell, M.G.A. **Cana-de-açúcar**. p.101-155. Campinas: IAC, 2008.
- LIMA, M.L.A.; GARCIA, A.A.F.; OLIVEIRA, K.M.; MATSUOKA, S.; ARIZONO, H.; SOUZA JR., C.L.; SOUZA, A.P. Analysis of genetic similarity detected by AFLP and coefficient of arentage among genotypes of sugarcane (*Saccharum spp.*). *Theor. Appl. Genet.* 104: 30–38, 2002.
- LITTELL, RAMON C., GEORGE A. MILLIKEN, WALTER W. STROUP, RUSSELL D. WOLFINGER, OLIVER SCHABENBERGER. **SAS® for Mixed Models**, Second Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2006.
- LASCANO, G. O; MARIOTTI, J. A. Estudios de Selección en la etapa de plantines individuales en caña de azúcar. 1) asociaciones fenotípicas entre caracteres en el primer corte. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**. v 47. n.1, p.35-45, 1970.
- LORENÇÃO, L. et al. Comportamento de clones de cana-de-açucar em relação a *Diatraea saccharalis* (Fabr., 1794). **Bragantia**, v. 41, n. 1, 1982.
- LOPES, F.C.daC. **Mapeamento genético de cana-se-açúcar (*Saccharum spp.*) por associação empregando marcadores SSR e AFLP**. 2011. 140 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.
- LUCCHESI, A.A. **Cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*)**. In: CASTRO, P.R.C., KLUGE, R.A. (Coords.). *Ecofisiologia de culturas extrativas: cana-de-açúcar*,

- seringueira, coqueiro, dendezeiro e oliveira. Cosmópolis-SP: Stoller do Brasil, 2001, p.13-45.
- MACHADO JR., G. R. Programas de Desenvolvimento de Variedades de Cana-de-Açúcar: Uma Cara Aventura que se Paga. **Sugar Journal** . Outubro 2009 p. 15-18.
- MACHADO Jr., G.R.; SILVA, W.M.; IRVINE, J.E. **Sugarcane breeding in Brazil: the copersucar program**. In: Coopersucar International Sugarcane Breeding Workshop. São Paulo: Copersucar. p. 217-232. 1987.
- MAPA, **Ministério da Agricultura e Pecuária. Dados de produção de cana**. 2014 Disponível em www.agricultura.gov.br. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/pesquisa?termo=cana-de-a%E7%FAcar&tipoPesquisa=todos>. Acesso em 20 jan 2015.
- MARY, S.; NAIR, N. V.; PANKAJ K. C.; SELVI, A.. Analysis of Genetic Diversity Among *Saccharum spontaneum* L. from four Geographical Regions of India, using molecular markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.53, n.6, 1221-1231. DOI 10.1007/s10722-005-2433-z, 2006.
- MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV. p.225-274. 2005.
- MING, R.; MOORE, P.H.; WU, K.K; D'HONT, A; GLASZMANN, J.C; TEW, T.L.; MIRKOV, T.E.; Da SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHNELL, R.J.; BRUMBLEY, S.M.; LAKSHAMANAN, P.; COMSTOCK, J.C.; PATERSON, A.H. Sugarcane Improvement through Breeding and Biotechnology. In JANICK, J. (Ed.) **Plant breeding reviews**. New York: John Wiley & Sons, 2006. Chap. 2, p. 15-118.
- MUKHERJEE, S.K. 1950. Search for wild relatives of sugarcane in India. **Int. Sugar J.** 52:261–262.
- MUKHERJEE, S.K. Origin and distribution of *Saccharum*. **Bot. Gazette** v. 119, p. 55-61, 1957.
- NAIDU, K.M.; SREENIVASAN, T.V. Conservation of sugarcane germplasm. In: Coopersucar International Sugarcane Breeding Workshop. São Paulo: **Copersucar**. p. 33-53. 1987.
- NASSAR, A. M; MOREIRA, M. Evidences on Sugarcane Expansion and Agricultural Land Use Changes in Brazil. iN; Institute for International Trade Negotiations - www.iconebrasil.org.br. 2010. Disponível em http://sugarcane.org/resource-library/studies/evidences_on_sugarcane_expansion_and_agricultural_land_use_changes_in_brazil_1206.pdf. Acesso em: 15 dez 2014.
- OGATA, B. H.. **Caracterização das frações celulose, hemicelulose e lignina de diferentes genótipos de cana-de-açúcar e potencial de uso em**

biorrefinarias. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de Alimentos) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013. Disponível em: <<http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11141/tde-13112013-143039/>>. Acesso em: 2014-11-17.

OLIVEIRA, R. A. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/ BLUP.** 2007. 127 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.

OSGOOD, R.V.. Cane Planter, Sugarcane Yield and Record Yield. **Sugar Journal.** v.66, n7, 2003.

PANJE, R.R. 1972. The role of *Saccharum spontaneum* in sugarcane breeding. Proc. Int. **Soc. Sugar Cane Technol.** 14:217–223.

PANJE, R.R.; BABU, C.N.. Studies in *S. spontaneum*. Distribution and geographical association of chromosome numbers. **Cytologia** v. 25, p. 152-172. 1960.

PEDROZO, C., **A. Eficiência da Seleção em Fases Iniciais no Melhoramento da Cana-de-Açúcar.** 2006. 120 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M. de; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. de. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Cienc. Rural**, Santa Maria , v. 39, n. 9, Dec. 2009 Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782009000900007&lng=en&nrm=iso>. access on 20 Mar. 2015. Epub Oct 23, 2009. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782009005000209>.

PETROBRAS. Conheça o etanol produzido com bagaço de cana. Publicado em 07 de fevereiro de 2014 em <http://www.petrobras.com.br/fatos-e-dados/conheca-o-etanol-produzido-com-bagaço-de-cana.htm?qclid=Cj0KEQiAl7KmBRDW6s-Xi uT9OgBEiQAZdbbSePM5GpV0bJdzlowhRN93e-5m-WjeCG9NTn Uaz-HwkaAj-g8P8HAQ> acesso em 30 de janeiro de 2015.

PHILIPPIDIS G.P.; HATZIS C. Biochemical-Engineering Analysis of Critical Process Factors in the Biomass-to-Ethanol Technology Biotechnology Progress. In The Biomass-To-Ethanol Technology, **Biotechnology progress**, v. 13, n. 3, p. 222-231, 1997.

PIPERIDIS, G., AND A. D'HONT. Chromosome composition analysis of various *Saccharum* interspecific hybrids by genomic in situ hybridisation (GISH). Int. Soc. **Sugar Cane Technol. Cong.** V. 11, p.565, 2001.

PRADO, T.G.F. **Externalidades do Ciclo Produtivo da Cana-de-açúcar Com Ênfase na Produção de Energia Elétrica.** 252 f. Dissertação de Mestrado.

Universidade de São Paulo. 2005.

- RAGAUSKAS, A.J.; NAGY, M., KIM, D.H., ECKERT, C.A., HALLETT, J.P., LIOTTA, C.L. From wood to fuel: Intergrating and pulp production. **Industrial Biotechnology**, New Rochelle, v. 2, p. 55-65, 2006.
- RAO, C.R. Estimation of heteroscedastic variances in linear models. **J. Amer. Statist. Assoc.** v.65, p.161–172, 1970.
- RAO, C.R. Estimation of variance covariance components – MINQUE theory. **J. Multivariate Anal.** V.1, p.257–275, 1971a.
- RAO, C.R. Minimum variance quadratic estimation of variance components. **J. Multivariate Anal.**, v.1, p. 445–456, 1971b.
- RAO, P.S.R.S. **Theory of the MINQE** – A review. *Sankhy* a, B 39, 201–210, 1977.
- RESENDE, M. D. V. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo: Embrapa Florestas, Ed. 1, 2004, 57 p. (Documentos, 100).
- RIPOLI, M. L. C. **Ensaio de dois sistemas de obtenção de biomassa de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) para fins energéticos**. 2004. 213 f. Tese (Doutorado em Agronomia/ Energia na Agricultura)-Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2004.
- ROACH, B.T. **Utilization of *Saccharum spontaneum* in sugarcane breeding**. Proc. Int. Soc. Sugar Cane Technol. 16:43–57. 1977.
- ROACH, B.T. Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. **Proceedings of the Australian Society of Sugar Cane Technologists**, Tweed Heads, v. 10, p. 34-47, 1989.
- SAS Institute Inc. 2010. SAS/STAT® 9.22 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- SCARPARI, M.S. Modelos para previsão da produtividade da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) através de parâmetros climáticos. 2002. 79p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.
- SCOTT, R.A.; MILLIKEN, G.A. A SAS program for analyzing augmented randomized complete-block designs. **Crop Science**, v.33, p.865-867, 1993.
- SHAPOURI, H.; SALASSI, M.; FAIRBANKS, J.N. The economic feasibility of ethanol production from sugar in the United States. **Report of the USDA**, 62p. Julho de 2006.
- SISSINE, F. "Energy Independence and Security Act of 2007: a summary of major provisions." LIBRARY OF CONGRESS WASHINGTON DC CONGRESSIONAL RESEARCH SERVICE, 2007.

- SUGANYA, A.; NITHIYANANTHAM, R.; PREMACHANDRAN, M.N.; BALASUNDARAM, N.; GOVINDARAJ, P.; SELVI, A.; NAIR, N.V. Cytological studies in hybrids between a sugarcane cultivar and three cytotypes of wild *Saccharum spontaneum* L. **Journal of Sugarcane Research**. v 2, n 2, p. 34-40. 2012.
- TAI, P.Y.P.; DEAN, J.L.; MILLER, J.D.; GILL, B.S. Frequency of rust susceptibility in the sugarcane variety development program at Canal Point Proc. **9th Cingr. Am. Soc. Sugar Cane Technol.** 1980 (in press)
- TAI, P.Y.P.; MILLER, J.D. A core collection for *Saccharum spontaneum* L. from the world collection of sugarcane. **Crop Science Society of America** v. 41, p.879-885, 2001.
- TEW, T. L.; COBILL, R. M.. Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum* spp.) as an Energy Crop. **Genetic Improvement of Bioenergy Crops**, DOI: 10.1007/978-0-387-70805-8_9; p.249-271, 2008.
- TOLLEFSON, J.. The Global Farm. **Nature**, 466, pp. 554-6. 2010.
- VIATOR, Ryan P.; RICHARD JR, Edward P. Sugar and energy cane date of planting effects on cane, sucrose, and fiber yields. **Biomass and Bioenergy**, v. 40, p. 82-85, 2012.
- WANG, LI-PING; JACKSON, PHILLIP A; LU, XIN;FAN, YUAN-HONG; FOREMAN, JOHN W; CHEN, XUE-KUAN; DENG, HAI. Evaluation of Sugarcane × *Saccharum spontaneum* Progeny for Biomass Composition and Yield Components. **Crop Science**. v. 48, n. 3; p. 951, 2008.
- WARNER, J.N.; C.O. GRASSL. The 1957 sugarcane expedition to Melanesia. Hawaii. **Plant. Rec.** v. 55 p. 209–236, 1958.
- WOODARD, K.R.; PRINE, G.M. Dry matter accumulation of elephantgrass, energycane and elephant millet in a subtropical climate **Crop Science**, v. 33, p. 818–824, 1993.
- XAVIER, M. A.; PERECIN, D.; ALVIM, K. R. DE T.; LANDEL, M. G. de A.; Arantes, F. C.. Seleção de famílias e progênies de irmãos completos de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 3, Sept. 2014. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0006-87052014000300006&lng=en&nrm=iso>. Acesso em 16 Oct. 2014. Aug 15, 2014.