

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”

**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIA, PARÂMETROS GENÉTICOS
E IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES MASCULINOS EM
POLICRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

Mauro Alexandre Xavier

Engenheiro Agrônomo

JABOTICABAL- SÃO PAULO - BRASIL

Dezembro - 2011

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE
MESQUITA FILHO”**

**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIA, PARÂMETROS GENÉTICOS
E IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES MASCULINOS EM
POLICRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

Mauro Alexandre Xavier

Orientador: Prof. Dr. Dilermando Perecin

Co-orientador: Dr. Marcos Guimarães de Andrade Landell

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

JABOTICABAL- SÃO PAULO - BRASIL

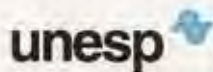
Dezembro - 2011

X3p Xavier, Mauro Alexandre
Ponto de mérito de família, parâmetros genéticos e identificação de genitores masculinos em policruzamentos de cana-de-açúcar. / Mauro Alexandre Xavier. – – Jaboticabal, 2011
x, 80 f. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2011
Orientador: Dilermando Perecin
Co-orientador: Marcos Guimarães de Andrade Landell
Banca examinadora: Luciana Aparecida Carlini Garcia, Ricardo Augusto Dias Kanthack, Rinaldo César de Paula, Miguel Angelo Mutton
Bibliografia

1. Melhoramento genético. 2. Marcadores moleculares. 3. *Saccharum* spp. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.61:631.52



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

CAMPUS DE JABOTICABAL

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIA, PARÂMETROS GENÉTICOS E IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES MASCULINOS EM POLICRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR

AUTOR: MAURO ALEXANDRE XAVIER

ORIENTADOR: Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN

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

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

Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN

Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Profa. Dra. LUCIANA APARECIDA CARLINI GARCIA

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Piracicaba/SP

Prof. Dr. RICARDO AUGUSTO DIAS KANTHACK

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Assis/SP

Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Prof. Dr. MIGUEL ANGELO MUTTON

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Data da realização: 12 de dezembro de 2011.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Mauro Alexandre Xavier, nascido em 20 de setembro de 1968 na cidade de Catanduva (SP), iniciou em 1989 o curso de graduação em agronomia na Universidade Estadual de Santa Catarina finalizando-o em 1994. Ingressou no Programa de Pós-Graduação em Agronomia da FCAV/UNESP- Produção Vegetal, em 1998, e concluiu seu mestrado em 2002. Atuou profissionalmente no setor de produção agrícola de 1994 a 2000. A partir de 2000 tem-se dedicado à área de P&D de cana-de-açúcar, exercendo atualmente a função de pesquisador científico no Programa Cana do Instituto Agrônomo em Ribeirão Preto, SP.

“A felicidade é um sentimento simples; você pode encontrá-la e deixá-la ir embora por não perceber sua simplicidade.”

Mario Quintana

Aos meus queridos vó Nelvide e tio Oszardo, pelos princípios de amor e da generosidade incondicional... Aos meus amores, Ana e Luísa, por cultivarem e regarem o meu jardim da vida.

DEDICO

A meus pais, Odeval e Nobuko (*in memoriam*) pelos laços eternos.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo suprimento eterno de “vida”.

Ao professor Dr. Dilermando Perecin, pela orientação, paciência e amizade.

Ao co-orientador Dr. Marcos Guimarães de Andrade Landell pela amizade, sabedoria e equilíbrio.

A toda equipe do Programa Cana IAC, pela cooperação e pelo apoio intelectual e operacional.

Aos amigos, Mário Pércio Campana, Pery Figueiredo, Marcos Landell, Ivan dos Anjos, Ricardo Kanthack e José Antonio Bressiani pelos ensinamentos informais, porém, integralmente disponibilizados e que têm alimentado a formação do espiral do conhecimento.

Aos profissionais, Jeremias Mendonça, Paulo Eduardo (MT), Hector Carregari (Mudinho), José Roberto (Zero), João Carlos Taveira, Leopoldino Perruco (Nem), Roberto, Rômulo, Dorival e Oséias pela energia dispensada em todas as avaliações de campo.

Às pesquisadoras e técnicas do laboratório de biotecnologia do Programa Cana IAC, especialmente Dra. Luciana Rossini pela competência, Silvana Creste pelo dinamismo, Thais e Bruna pelas inestimáveis análises.

A todos os professores da FCAV – Unesp – Jaboticabal, especialmente aos professores Dr. Rinaldo César de Paula, José Roberto Môro, Miguel Angelo Mutton.

A todos os funcionários da FCAV – Unesp – Jaboticabal, pela atenção disponibilizada.

Aos alunos e amigos do curso de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, Flávio Cese e Karen Rodrigues, pelas incontáveis colaborações.

Ao Instituto Agrônômico e à Apta, pela oportunidade do treinamento.

A todos aqueles que direta ou indiretamente colaboraram para a realização e a conclusão deste sonho, cujos nomes se confundem na hora de agradecer.

Muito obrigado!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	ix
SUMMARY.....	x
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
OBJETIVOS	3
REVISÃO DE LITERATURA	4
1. Germoplasma.....	5
2. Híbridos.....	5
3. Seleção em cana-de-açúcar.....	7
3.1. Fase 1 de seleção – FS1.....	7
3.1.1. Seleção individual ou massal estratificada	7
3.1.2. Seleção de famílias	8
3.2. Fase 2 de seleção – FS2 – Programa Cana IAC	10
3.3. Fase 3 de seleção - FS3 – Programa Cana IAC	10
3.4. Experimentação regional – Programa Cana IAC.....	10
3.5. Validação e caracterização final quanto à estabilidade fenotípica – Programa Cana IAC.....	11
REFERÊNCIAS.....	12
CAPÍTULO 2 – PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIAS PARA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	17
1. INTRODUÇÃO	19
2. MATERIAL E MÉTODOS	20
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	23
4. CONCLUSÕES	29
REFERÊNCIAS.....	30

CAPÍTULO 3 – ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS E PROGENIES DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	32
1. INTRODUÇÃO	34
2. MATERIAL E MÉTODOS	35
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
4. CONCLUSÕES	61
REFERÊNCIAS.....	61
 CAPÍTULO 4 – IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES MASCULINOS EM POLICRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR COM MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	64
1. INTRODUÇÃO	66
2. MATERIAL E MÉTODOS	67
2.1 Material.....	67
2.2 Extração de DNA.....	67
2.3 Reação de amplificação para os pares de primers de microssatélites.....	68
2.4 Análise dos dados	69
3. RESULTADOS	69
3.1 Polimorfismo obtido com os SSRs	69
3.2 Identificação das progênies com marcadores SSRs	70
4. DISCUSSÃO	76
5. CONCLUSÃO.....	78
REFERÊNCIAS.....	78

PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIA, PARÂMETROS GENÉTICOS E IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES MASCULINOS EM POLICRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR

RESUMO – Os programas de melhoramento de cana-de-açúcar buscam desenvolver novos métodos e estratégias de seleção nas fases iniciais. Dentro deste contexto com o objetivo de ampliar a eficiência dos processos de identificação de genótipos e famílias superiores de cana-de-açúcar, foi proposto um Ponto de Mérito de Família (PMF), que considera as médias e os desvios padrões para cada família. As avaliações identificaram genótipos selecionados que apresentam ganhos médios de três pontos de Brix e identificou sete famílias com correlação positiva para TCH e Brix. Possibilitaram também a seleção de 69 genótipos com PMF mínimo acima de 169,20 toneladas de colmos.hectare⁻¹ e 18,01 de Brix, avaliados em ciclo de cana soca aos 10 meses de idade fisiológica no mês de fevereiro. Quanto aos parâmetros genéticos, tanto as amplitudes de predição (2,98% Brix e 32,72 TCH) quanto às estimativas da herdabilidade média entre famílias para TCH e Brix (0,64 e 0,86) indicaram possibilidade de explorar eficientemente a seleção entre e dentro das famílias. O atributo biométrico mais associado ao componente de produção TCH e Biomassa foi o número de colmos, apresentando valores de 0,79 e 0,85, respectivamente. Dos 69 genótipos superiores para TCH e Brix selecionados pelo PMF, 49 foram originados de policruzamentos, dos quais 73% tiveram a identificação do parental masculino reveladas pela utilização de marcadores microssatélites, o que permitirá repetir combinações que provavelmente aumentam as chances de ocorrência de genótipos superiores.

Palavras-chave: marcadores moleculares, melhoramento genético, *Saccharum* spp.

FAMILY MERIT POINT, GENETIC PARAMETERS AND MALE PARENTHOOD IDENTIFICATION IN SUGARCANE POLICROSS

SUMMARY – The sugar cane crop breeding programs in Brazil search developing new methods and strategies of selection in the initial phases. In this context, with the objective of increase the efficient of the process of superior sugar cane genotypes and families identification, it was proposed the Family Merit Point (FMP) that considers the means and the standard deviations to each evaluated family. With the evaluations were possible identified genotypes with mean of gains in order to increase three points to Brix and were identified too, seven families with positive correlation to TSH and Brix. It was possible also the selection of 69 genotypes with minimum FMP over 169.20 tons of sugar cane per hectare and 18.01% of Brix, both evaluated in ratoon sugar cane cycle with ten physiologic months old on February. Regarding the genetic parameters, both the prediction ranges (2.98% Brix and 32.72 TSH) as the mean heritabilities estimations between families to TSH and Brix (0.64 and 0.86) have indicating the possibility to explore efficiently the selection within and between families. The biometric feature more associated to the production components TSH and biomass was the number of the stalks, showing values of 0.79 and 0.85, respectively. From 69 superiors genotypes to TSH and Brix selected by FMP, 49 were obtained from policross, which 73% had a male parenthood identified by microsatellites markers, that will allow the repetition of those crosses and may increasing the chance of occurring superiors genotypes.

Key-words: molecular markers, crop breeding, *Saccharum* spp.

PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIA, PARÂMETROS GENÉTICOS E IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES MASCULINOS EM POLICRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

A cana-de-açúcar é produzida em mais de 101 países no mundo, porém com uma forte concentração principalmente em 8 grandes produtores, que representam 3/4 da produção mundial (FAO, 2008). Segundo essa fonte, o Brasil representa 33% dessa produção, realizada com relativa competitividade. Porém, essa liderança não está garantida no médio e longo prazo, pois países como Austrália e Tailândia tem apresentado custos de produção em níveis muito próximos aos brasileiros (CORTEZ, 2010).

A área cultivada com cana-de-açúcar destinada à atividade sucroenergética no Brasil atualmente é estimada em 8.434,3 mil hectares. O maior percentual de área de expansão continua localizado nos estados da região Sudeste, 33,3%. O estado de São Paulo ainda concentra a maior área de expansão, 203.834 ha, verificados no ciclo de plantio 2010/2011 (CONAB, 2011). Outra região que também tem aumentado sua participação é o Centro Oeste, principalmente o estado de Goiás e na região sul destaca-se o estado do Paraná, totalizando no país uma expansão de 621.505,5 ha no último ciclo de plantio referente ao ano de 2011.

A expectativa para os próximos anos é de aumento no número de unidades industriais e da capacidade instalada nas já existentes. Também, é fato que existe em processo embrionário um novo modelo industrial, focado em biorefinarias, o que supõe o aproveitamento integral da cana-de-açúcar em atendimento as demandas mundiais por produtos ambientalmente sustentáveis. Tradicionalmente na indústria sucroenergética se identificam dois principais produtos, açúcar e etanol. Recentemente, aliado a esses, há outros produtos emergentes, principalmente

bioeletricidade e os diversos insumos da indústria petroquímica. Tais itens colocam a cana-de-açúcar como prioridade e destaque junto aos grupos de pesquisa na área de bionergia. Diante dessa importância e do cenário de crescimento da cultura no Brasil e no mundo, é indispensável o contínuo desenvolvimento de novas tecnologias varietais, que garantam sustentabilidade econômica ao produtor e ao setor sucroenergético nacional. É notório também que há necessidade de fortalecer modelos de integração entre as áreas de pesquisa, desenvolvimento e inovação para que o setor de produção efetivamente se beneficie dos produtos desenvolvidos pelos programas de melhoramento. Nos últimos 10 anos foram disponibilizadas mais de uma centena de novas cultivares. No Programa Cana IAC as cultivares representaram progresso genético de 1,16% ao ano e tecnológico de 1,0 tonelada por hectare ano (PERECIN, 2009). A necessidade de adoção de novas cultivares fica explícita, principalmente pelos baixos índices de produtividade atualmente identificados no cultivo da cana-de-açúcar no Brasil. A produtividade média atual é de 69,82 toneladas de cana por hectare (CONAB, 2011), o que provavelmente é reflexo dos baixos indicadores das regiões tradicionais de cana-de-açúcar. Neste sentido, segundo ASSUNÇÃO (2010), uma das maneiras mais eficazes para se elevar esses índices é por meio do melhoramento genético da planta, via elevação do teor de sacarose e/ou pelo desenvolvimento de cultivares adaptadas as diversas regiões de cultivo.

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar têm buscado desenvolver novos genótipos que atendam tais necessidades. Basicamente, a estratégia atual tem sido priorizar a seleção regional, potencializando as possíveis interações genótipos x ambientes favoráveis. Dentro dessa estratégia, algumas peculiaridades são destacadas ao longo das diversas fases de seleções. Em cana-de-açúcar há duas principais etapas no processo de identificação e desenvolvimento de uma nova cultivar, hibridação e fases de seleções. Através da hibridação os programas de melhoramento procuram ampliar a variabilidade genética, possibilitando ao melhorista a execução de seleção. Segundo OLIVEIRA (2007), a seleção é praticada em todas as fases do melhoramento genético, desde a escolha dos genitores e cruzamentos, passando pela seleção na população segregante e também nas etapas

subseqüentes com a seleção clonal. Para a identificação, caracterização e validação de uma nova cultivar os programas gastam em média de 10 a 12 anos. No início, logo após a hibridação, a maioria dos programas trabalha com populações grandes, utilizando como processo a seleção fenotípica ou massal. De acordo com BRESSIANI (2001), tais programas apresentam sucesso relativo, já que os resultados da genética quantitativa sugerem que a eficiência na seleção seja baixa. O Programa Cana do IAC tem adotado já em sua fase inicial o método de seleção regional, contemplando dez diferentes regiões de seleção, o que permite explorar as interações genótipo x ambiente. No entanto, são necessários estudos e avaliações que permitam conhecer a herdabilidade e a variabilidade genética dos atributos biométricos envolvidos nos componentes de produção, o que na somatória dos anos de avaliação permitirão a formação de um banco de clones elites, com finalidade de utilização em novas campanhas de hibridações. Em função da importância e dos custos envolvidos nestas etapas iniciais, melhoristas têm se empenhado na busca de métodos de seleção mais eficientes e menos onerosos. Dentro desta linha uma hipótese sugerida têm sido os estudos de seleção por família e suas variações.

OBJETIVOS

- ✓ Propor e avaliar um ponto de mérito de família mínimo (PMFm).
- ✓ Estimar parâmetros genéticos de famílias e suas progênies e verificar a relação de atributos biométricos com os principais componentes de produção, TCH e Brix.
- ✓ Identificar a paternidade dos indivíduos que apresentaram destacados indicadores de produtividades agro-industriais, através da utilização de princípios da biotecnologia para possível uso no banco ativo de germoplasma (BAG).

REVISÃO DE LITERATURA

Nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, o objetivo principal é liberar novas cultivares que representem aos produtores aumento de rentabilidade. Nesta cultura é bastante antiga a busca por genótipos que apresentem maior teor de sacarose, destacando-se nesta contribuição a espécie *Saccharum officinarum*, que até o início do século XX era responsável por grande parte da matéria prima mundial. Inicialmente, a partir de 1880 a importância do melhoramento genético pode ser creditada ao advento de inúmeras doenças (LANDELL & BRESSIANI, 2008). Para minimizar os problemas, a estratégia adotada foi a de utilização de cruzamentos interespecíficos envolvendo espécies do complexo *Saccharum* como *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. barberi* e *S. sinense*. Esse “mix” de espécies associadas com as hibridações dirigidas alterou significativamente o ideótipo varietal, oferecendo a indústria uma nova concepção de matéria prima. Sendo assim, a característica mais importante seria a elevada produção de açúcar por unidade de área. Outras características consideradas para uma nova cultivar de cana-de-açúcar são: rápida, vigorosa e prolongada brotação de soqueiras, tolerância à seca, hábito de crescimento ereto, ausência de florescimento e chochamento de colmos, adaptabilidade para plantio e colheita mecânica e ser tolerante às principais doenças e pragas. Para a indústria atributos como tipo e teor de fibra são relevantes para a produção de energia renovável a partir do bagaço da cana-de-açúcar. Uma premissa é que novos cultivares com elevada produção de biomassa possam ser desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético da cultura, conforme relatam BARBOSA et al. (2004). Neste sentido, LANDELL et al. (2005) relatam que os programas de melhoramento genético da cana conduzidos em dezenas de países têm sido responsáveis pelas mudanças essenciais ocorridas historicamente no setor sucroenergético.

1. Germoplasma

No início do século XX, os melhoristas de cana-de-açúcar perceberam que um grande banco de germoplasma seria essencial para o melhoramento sustentável da cultura. Pelo menos 31 expedições foram realizadas nas áreas de distribuição geográfica da espécie entre os anos de 1892 e 1985. Os objetivos das expedições foram coletar genótipos resistentes às doenças, de elevadas produtividades ou que apresentavam alto conteúdo de sacarose (BERDING & ROACH, 1987). Os resultados dessas expedições encontram-se depositadas em duas coleções mundiais, uma na Índia e outra nos Estados Unidos.

A manutenção de coleções com germoplasma básico das espécies é de extrema importância para a ampliação da base genética e busca de genes específicos. No entanto, a manutenção das coleções de trabalho, banco ativo de germoplasma (BAG) dentro de cada programa é essencial para possibilitar a aplicação das estratégias de hibridação e seleção peculiares de cada instituição. Normalmente o BAG é composto por germoplasma básico, híbridos comerciais e pré-comerciais.

2. Hibridações

Segundo MING et al. (2006), a história das hibridações de cana-de-açúcar pode ser agrupadas em cinco períodos distintos: (1) cruzamentos entre canas nobres (*S. officinarum*); (2) nobilização da cana-de-açúcar a partir de cruzamentos entre *S. officinarum* e *S. spontaneum*, nos quais todos os cromossomos do genitor materno foram transferidos aos descendentes, o que aconteceu logo no F1 ou no retrocruzamento com *S. officinarum*; (3) cruzamentos entre cultivares nobilizadas para produzir os híbridos; (4) cruzamentos entre híbridos para produzir as cultivares atuais; (5) introgressão para aumentar a base genética.

O processo de noblização consistiu na hibridação entre canas nobres e a espécie selvagem *S. spontaneum*, seguido do respectivo retrocruzamento com a cana nobre. Neste caso o parental selvagem é nobilizado através do melhoramento e as progênies híbridas selecionadas são as cultivares (BREMER, 1961). O evento marcante desse período foi a seleção da POJ2878, em Java em 1921. Em Coimbatore, Índia, a noblização entre *S. barberi* e *S. spontaneum* com *S. officinarum* produziu os híbridos tri-específicos, denominados “Co”. Cultivares Co213, Co281 e principalmente Co290 ganharam ampla aceitação em países como Índia, África do Sul, Austrália, Argentina e Brasil. Estas cultivares foram direcionadas, também, para ambientes mais restritivos. A noblização foi ainda utilizada em Barbados e em outras estações de hibridação produzindo importantes cultivares. A utilização de hibridações entre cultivares nobilizadas nos anos de 1930 produziu muitas cultivares importantes para a produção de açúcar até 1960.

No Brasil os programas de melhoramento iniciaram suas campanhas de hibridações na década de 1930. O Instituto Agrônômico realizou sua primeira campanha em 1933, no município de Miracatú, litoral sul de São Paulo. As primeiras cultivares do Instituto Agrônômico foram, IAC36-25 e IAC47-31. A partir de 1950 predominou as hibridações entre clones em fases avançadas de seleção e cultivares comerciais. Neste período as seguintes combinações se destacaram: NA56-79 x Co775, RB72454 x NA56-79, RB72454 x SP70-1143 e SP71-1088 x H57-5028. No final do século vinte, (ROACH,1989) relata que boa parte das cultivares comerciais foram derivadas de menos de 20 genótipos, todos oriundos de programas de noblização desenvolvidos em Java e na Índia, o que torna relevante esforços para se ampliar a base genética da cana-de-açúcar. Ações para ampliação foram iniciadas em vários países, com destaque para Barbados que já produziu um grupo grande de clones pré-comerciais com objetivo de ser incorporado ao pool gênico das populações em seleção comercial (RAO, 2007).

3. Seleção em cana-de-açúcar

No caso da cana-de-açúcar o principal sistema de seleção, refere-se à seleção recorrente intrapopulacional (RESENDE & BARBOSA, 2005). Ao final de um ciclo de melhoramento, envolvendo seleção na população segregante e clonal os indivíduos superiores são novamente intercruzados para a geração de novas famílias. Esse esquema em cana-de-açúcar, planta semi perene, pode levar a sobreposição de gerações, entretanto o alto grau de ploidia e heterose permitem a prática de seleção visando os seguintes objetivos: seleção de genitores para hibridação e recombinação em programas de seleção recorrente intrapopulacional e recíproca; seleção de clones candidatos para plantios comerciais; seleção de clones potenciais nas progênies híbridas e seleção de famílias. As diversas etapas de seleções que ocorrem dentro de um programa de melhoramento podem ser subdivididas em dois grupos: seleção na população segregante, fase de seleção 1; e demais fases clonais. Segundo, BRESSIANI (2001) a seleção na etapa inicial, em que os indivíduos são originários de “sementes” sexuadas, denominadas de seedlings pelos melhoristas, é a que apresenta menor eficiência quando comparadas as demais etapas. Isto ocorre devido às baixas herdabilidades no sentido amplo para a maioria dos atributos e aos gastos associados ao longo período necessário para a avaliação de todos os indivíduos. Principalmente para esta fase de seleção foram desenvolvidos procedimentos e métodos, que serão abordados a seguir.

3.1. Fase 1 de seleção – FS1

3.1.1. Seleção individual ou massal estratificada

Na seleção individual a unidade de seleção é a planta, a qual é identificada de acordo com seus valores fenotípicos, pois nesta fase o genótipo é único e originado de uma multiplicação sexuada. Este método facilita a parte operacional. Para alguns

atributos e componentes de produção pode produzir uma resposta mais rápida (FALCONER & MACKAY, 1996). Na fase 1 de seleção, seedlings, a avaliação visual é praticada na maioria dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, o que requer dos melhoristas e selecionadores muito treinamento e desenvolvimento tácito das habilidades. Os programas nesta etapa realizam estratégias diferenciadas em relação ao ciclo de seleção e aos atributos indiretos considerados. Muitos autores recomendam somente seleção em cana soca (BREAUX et al., 1963; GEORGE & GROOT, 1963; CASTAGNARO & MARIOTTI, 1982). Este procedimento é o adotado atualmente no Programa Cana IAC, pois oferece possibilidade de avaliar o potencial de brotação dos genótipos em seleção e uniformiza a idade fisiológica das plantas originadas de “sementes”. O sucesso de um programa de melhoramento depende da quantidade de variabilidade genética existente na população base a ser explorada, da herdabilidade do atributo que está sendo melhorado e da extensão do ganho genético possível. Na etapa de seedlings, em que os coeficientes de herdabilidade considerando plantas individuais são baixos, a taxa de seleção deveria ser alta. CESNIK & MIOCQUE (2004) recomendam nesta etapa intensidade de seleção de 5%. Porém, altas intensidades de seleções estão diretamente associadas a custos elevados dos programas de melhoramento, o que sugere a necessidade de desenvolvimento de estratégias de seleção combinadas para esta fase do melhoramento.

3.1.2. Seleção de famílias

Os primeiros estudos de famílias em cana-de-açúcar foram iniciados por HOGARTH na Austrália em 1971. Além da Austrália, o interesse pela seleção de famílias foi evidente na Indonésia (SUKARSO, 1986), Cuba (ORTIZ & CABALLERO, 1989), África do Sul (BOND, 1989) e na Louisiana (CHANG & MILLIGAN, 1992). Este método de seleção é uma alternativa no caminho de reduzir custos e aumentar a eficiência de seleção. Segundo LANDELL & BRESSIANI (2008), a circunstância

principal sob a qual a seleção de famílias é preferida ocorre quando o atributo selecionado apresenta baixa estimativa de herdabilidade no sentido amplo. A seleção de famílias tradicional consiste em escolher todas as melhores famílias e rejeitar as piores, que teriam valores genéticos baixos. Neste caso, valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam a média das famílias, portanto aos desvios são atribuídos pesos zero. Seguindo nesta direção e explorando a variância genética existente dentro das famílias, as pesquisas têm sido voltadas para a seleção por famílias e posteriormente dentro das melhores famílias, ou seja, variações do método de seleção de família tradicional, como por exemplo, seleção seqüencial tradicional modificada (BRESSIANI, 2001) e seleção combinada (LUSH, 1947). A identificação de famílias capazes de produzir genótipos superiores é altamente desejável para o desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar. Vantagem adicional com os estudos de famílias refere-se à possibilidade de inferir sobre os valores genéticos dos genitores utilizados nos cruzamentos com base no desempenho de suas respectivas progênies (OLIVEIRA, 2007).

Os novos genitores, embora compondo precocemente o banco de germoplasma, normalmente apresentam poucas informações genotípicas, o que impede sua utilização de forma sistemática. Estudos mostrando o potencial de famílias com valores genotípicos superiores quando comparados com famílias de valores inferiores, evidenciam que a seleção com base nas melhores famílias é efetiva para identificar quais famílias teriam maior proporção de clones elites (KIMBENG et. al., 2001). Portanto, a avaliação inicial do potencial dessas famílias permite a inclusão de estratégias combinadas de seleção e conseqüente formação de um grupo de genótipos elites a serem utilizados nas futuras campanhas de hibridação do Programa Cana do Instituto Agrônômico.

Outra possibilidade é a formação de índices de seleção. A idéia inicial da aplicação de índices de seleção nos programas de melhoramento genético foi apresentada por SMITH (1936). Aquele índice foi denominado de otimizado, sofrendo posteriormente diversas modificações, porém tendo como base a obtenção e combinações lineares de valores fenotípicos observados. Considerando-se os elevados

custos do melhoramento genético nas etapas iniciais de seleção, é relevante a identificação do método mais adequado a ser aplicado, pois dele derivarão o sucesso e a viabilidade do programa.

Para as fases clonais do Programa Cana IAC são identificadas as seguintes etapas de seleção:

3.2. Fase 2 de seleção – FS2 – Programa Cana IAC

Nesta fase os clones selecionados em FS1 são multiplicados em duas linhas de quatro metros, utilizadas para pré-avaliação utilizando-se das escalas conceituais para características morfológicas e condições fitossanitárias, além do Brix são tomadas todas as informações biométricas e a partir desses dados, é feita a seleção dos melhores indivíduos que participarão da fase seguinte. As avaliações são realizadas em cana-planta e soca, sendo a seleção praticada apenas no ciclo de soca.

3.3. Fase 3 de seleção - FS3 – Programa Cana IAC

Na fase 3, as parcelas de cinco linhas de seis metros são repetidas em dois blocos. Realizaram-se as mesmas avaliações das fases anteriores e em épocas também semelhantes. A diferença está na determinação dos atributos tecnológicos, os quais podem ser estratificados em diferentes épocas. Os campos de seleção das fases FS2 e FS3 são preservados, permitindo concomitantemente ser avaliada no mesmo período dos parâmetros de produção da fase seguinte, experimentação regional.

3.4. Experimentação regional – Programa Cana IAC

Nesta fase, denominada de ensaios de competição regional, reúnem-se os clones superiores, oriundos do processo de seleção clonal (FS1, FS2, FS3), os quais

são avaliados a partir de delineamentos estatísticos. Ao final dessa etapa ficam caracterizados fenotipicamente e identificados os clones elites por região de seleção.

Assim, os desafios para obtenção de cultivares adaptados nas regiões de atuação do Programa de Melhoramento de Cana IAC, de modo resumido (LANDELL et al., 2005) são:

Piracicaba: Aumento do potencial de produção agrícola e tolerância ao alumínio em subsuperfície; tolerância às Ferrugens Marron e Alaranjada;

Ribeirão Preto: Maior capacidade de brotação em período de estresse hídrico; tolerância ao Mosaico e Escaldadura;

Jaú: Maior resistência às doenças fúngicas, em especial à Ferrugem e Carvão, também à Escaldadura; maior capacidade de produção em solos de baixa fertilidade.

Mococa: Maior potencial de maturação em condições de baixo estresse hídrico; Tolerância às Ferrugens;

Pindorama: Maior capacidade de brotação em período de estresse hídrico; tolerância à Escaldadura e Nematóides.

Assis: Maior potencial de maturação em condições de baixo estresse hídrico; tolerância ao Mosaico, Estrias de folhas e Ferrugem;

Adamantina: Capacidade de realizar grande acúmulo de massa verde no período de crescimento vegetativo; tolerância ao Carvão, adaptabilidade a solos com horizontes A decapitados;

Goianésia: Capacidade de suportar período de estresse hídrico e ausência de florescimento; tolerância ao Carvão.

3.5. Validação e caracterização final quanto à estabilidade fenotípica – Programa Cana IAC

Uma nova cultivar também deve ser caracterizada em relação ao seu

desempenho em diversos ambientes de produção. A estimativa do comportamento de genótipos diante de variações ambientais pode ser determinada pela quantificação da interação "genótipo por ambiente". O estudo da estabilidade fenotípica sintetiza o enorme volume de informações obtido em uma rede experimental, caracterizando a capacidade produtiva, a adaptação às variações ambientais e a estabilidade das novas cultivares.

Assim, novas cultivares de cana-de-açúcar têm sido recomendadas com especificidade quanto aos diferentes ambientes de produção. Desta forma completa-se o ciclo de desenvolvimento de uma nova cultivar, que em última análise é bastante dependente da eficiência dos métodos de seleção utilizados na fase inicial, FS1.

Em função disto, este trabalho se propõe a identificar um ponto de mérito para as famílias e seus atributos biométricos, avaliar os parâmetros genéticos das progênes e identificar parentais masculinos que originaram progênes destaques em policruzamentos de cana de açúcar.

REFERÊNCIAS

- ASSUNÇÃO, A. **Avaliação de parâmetros genéticos relacionados à seleção de famílias em cana-de-açúcar**. Goiânia: 2010. 175 f. Tese (Doutorado em Agronomia).
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.SA.; BRESSIANI, J.A., SILVEIRA, L.C.I.; SILVA, F.L.; FIGUEIREDO, I.C.R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.218-226, 2004.

- BERDING, N.; ROACH, B.T. Germoplasm collection, maintenance and use. In: HEINZ, D.J.____(Ed.) **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier Press, 1987. P.143-210.
- BOND, R.S. Observations on family selection in the Mount Edgecombe sugarcane breeding programme. In: SOUTH AFRICAN SUGAR TECHNOLOGISTS ASSOCIATION ANNUAL CONGRESS, 63, Durban and Mount Edgecombe, 1989. **Prodeedings**. Mount Edgecombe: South African Sugar Technologist Association, 1989. p.132-135.
- BREAUX, R.D.; HEBERT, L.P.; FANGUY, H.P. Defects for which sugarcane seedlings are eliminated at the U.S. Sugar Cane Field Stantion. In: CONGRESS INTERNATIONAL OF SOCIETY SUGARCANE TECHNOLOGY, 1963. Houma, Louisiana. **Proceedings....v.11**, p.421-424, 1963.
- 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**. 2001, 134p. Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- CASTAGNARO, A.P.; MARRIOT, J.A. Muestro ambiental para estimar la estabilidad del comportamiento de la caña de azúcar. **Revista Industrial y Agricola de Tucumàn**. V.59, p.139-146, 1982.
- CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Embrapa Informações Tecnológicas. Brasília-DF, 307p. 2004.
- CHANG, Y.S.; MILLIGAN,S.B. Estimating the potential of sugarcane family to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p.633-639, 1992.

- CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar, segundo levantamento, agosto/2011** - Companhia Nacional de Abastecimento. - Brasília: Conab 2011.
- CORTEZ, L.A.B. Estratégias de políticas públicas para o etanol. In: CORTEZ, L.A.B. **Bioetanol de cana-de-açúcar: P&D para produtividade e sustentabilidade**. São Paulo: Blucher, 2010. p.03 -16.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to qualitative genetics**. 4.ed. London: Logman, 1996.464p.
- FAO. Agricultural Data. Faostat Database Results. Disponível em: <http://faostat.fao.org>. Acesso em 27 de outubro, 2011.
- GEORGE, E.F.; GROOT, W. Inherent defects of seedlings in Mauritius. In: CONGRESS INTERNATIONAL OF SUGARCANE TECHNOLOGY, 1963. Houma, Louisiana. **Proceedings...**v.11, p.414-421, 1963.
- KIMBENG, C.A.; MCRAE, T.A.; COX, M.C.; STRINGER, J.K. Optimising early generation selection in sugarcane breeding. **Proceedings...** International Society sugarcane Technologists. v.24, n.2, 448-493, 2001.
- LANDELL, M.G.A.L.; 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**. Campinas: IAC, 2008. p.99-156.
- LANDELL, M.G.A.L; PINTO, L.R.; CRESTE, S.A.; XAVIER, M.A.; ANJOS, I.A.; VASCONCELOS, A.C.; BIDÓIA, M.A.P.; SILVA, D.N.; Seleção de novas variedades de cana-de-açúcar e seu manejo de produção. **Informações Agronômicas**. Piracicaba, v. 110, p.18-24, 2005.

- LUSH, J.L. Family merit and individual merit as basis for selection. **American Naturalist**, v.80, p.318-342, 1947.
- MING, R.; MOORE, P.H.; WU, K.K.; HONT, A.D.; GLASZMANN, T.L.; TEW, T.E.; MIRKOV, J.; DA SILVA, J.; JIFON, M.; RAI, R.J.; SCHNELL, S.M.; BRUMBLEY, P.; LAKSHMANAN, J.C.; COMSTOCK, A.H. Paterson sugarcane improvement through Breeding and biotechnology. **Plant. Breeding Reviews**, v.27, p15-118, 2006.
- OLIVEIRA, R.A. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. Curitiba: 2007. 127 f. Tese (Doutorado em Agronomia).
- ORTIZ, R.; CABALLERO, A. Effectives of early sugarcane selection procedures in Cuba. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 20., São Paulo, 1989. **Proceedings...** São Paulo: Organizing Committee, 1989. p.932-937.
- PERECIN, D.; LANDELL, M.G.A.; XAVIER, M.A.; ANJOS, I.A. dos.; BIDÓIA, M.A.P.; SILVA, D.N.da. Progresso agrônômico e genético em programa de melhoramento de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Biometria**, v.27, p.279-287, 2009.
- RAO, S. EnergyCane: the Barbados experience. In VIII Whorkshop Cana Energia: Cana - **Diretrizes de Políticas Públicas para a Indústria Canavieira do Estado de São Paulo**. 2007. Disponível em: http://www.apta.sp.gov.br/cana/ver_work.php.
- RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica: Colombo, 2005. 130p.

ROACH, B.T. Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. **Proceedings of Australian Society of Sugar cane Technology**, v.11, p.34-47, 1989.

SMITH, H.F.A. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v.7, p.240-250, 1936.

SUKARSO, G. Assessment of family selection on original seedlings of sugarcane at Pasuruan. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 19., Jakarta, 1986. **Proceedings...** Jakarta: Organizing Committee, 1986. p.440-446.

CAPÍTULO 2 – PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIAS PARA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR

RESUMO - Avaliações de famílias em programas de melhoramento de cana-de-açúcar têm sido sugeridas como forma de facilitar o processo de identificação de genótipos superiores. O objetivo deste trabalho foi propor um novo método de seleção de famílias e genótipos de cana-de-açúcar a partir do PMFm (Ponto de Mérito de Família mínimo), aplicado na fase I do programa de melhoramento da cana-de-açúcar. O método considera as médias das famílias e seus desvios padrões e possibilita associar atributos de interesse agrônômico, tais como tonelada de cana.ha⁻¹ e Brix . Os PMFm podem ser aplicados para realizar seleção entre e dentro das famílias. No experimento avaliado, o método propiciou a identificação de genótipos que apresentaram ganhos médios de três pontos de Brix na fase II, e famílias com maior frequência de genótipos que associaram as características de interesse, produção e Brix. Além disso, os PMFm podem ser utilizados como referências de pressão de seleção para as novas séries de hibridações e progênies de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: estratégias de seleção, melhoramento genético, *Saccharum spp*

EVALUATION OF SUGARCANE THROUGH THE FAMILY MERIT POINT

SUMMARY - Family evaluations in sugarcane breeding programs have been suggested as a means to facilitate the process of superior genotypes identification. The objective of the present work was to propose a new method for sugarcane family and genotype selection, using the Merit Family Minimum Point (MFMP) applied in the first phase of sugarcane development process. The method considers the family means and their standard deviation and enables to associate traits that are of interest, such as tonnes of sugarcane per hectare (TSH) and Brix. The MFMP can be applied to perform the selection between and within families. In this experiment evaluated, the method provided the identification of genotypes showing gains of 3 points in Brix in the phase II, and also families with the higher frequency of genotypes associating the traits of interest productivity and Brix. In addition the MFMP can be used as a reference of selection pressure for the new hybridization series and sugarcane progenies.

Keywords: *Saccharum spp*, selection approaches, crop breeding

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) tem início na escolha dos genitores e obtenção de sementes a partir do processo de hibridação. Nesta etapa o objetivo é associar nas progênies atributos de interesse: produção, teor de açúcar, resistência a doenças, adaptabilidade ao plantio e colheita mecanizada entre outros. Em geral, a variabilidade genética contida nas progênies de famílias de cana-de-açúcar é grande, o que permite realizar seleções.

Tradicionalmente os programas de melhoramento de cana-de-açúcar adotam o método de seleção massal estratificado dentro de família. Nesse caso é comum a prática de seleção indireta para produção de colmos via os componentes da produção (número, altura e diâmetro de colmos). Na Austrália, as avaliações de famílias e variações como a seleção sequencial australiana (MCRAE et al., 1998; COX et al., 2000; KIMBENG & COX, 2003) têm sido utilizadas na rotina do programa de melhoramento. No Brasil, a seleção sequencial modificada proposta por BRESSIANI (2001) e a seleção de famílias via modelos mistos (BARBOSA et al., 2004 e 2005; RESENDE & BARBOSA, 2006; OLIVEIRA et al., 2008) começam a ser utilizadas e avaliadas. Segundo BRESSIANI (2001), na população segregante, fase de seleção I, a avaliação de famílias pode ser preferida para os caracteres de baixa herdabilidade individual, como por exemplo, a produção em tonelada de cana por hectare (TCH). Conforme esse autor, o processo de seleção de famílias torna-se mais efetivo, pois 75% a 80% da variação fenotípica podem ser explicados devido aos fatores genéticos. No entanto, RESENDE & BARBOSA (2006) relatam que a capacidade dessa estratégia em incrementar ganhos na seleção de indivíduos dentro da família, passa necessariamente pela seleção visual, o que justifica estudos que associem métodos de seleção e possíveis correlações entre caracteres.

A correlação e a variância genética entre caracteres são importantes no melhoramento, pois reflete o quanto a seleção, para um determinado caráter pode influenciar em outro (RESENDE, 2002). Nesse sentido, KIMBENG & COX (2003)

relataram que ao adotar a seleção de famílias na Austrália, houve um ganho de 2% ao ano para TCH, enquanto para o conteúdo de açúcar, houve um decréscimo de 0,2% no mesmo período. De acordo com os autores, isso teria sido ocasionado devido à correlação negativa de baixa magnitude entre esses caracteres.

SOUSA-VIEIRA & MILLIGAN (2009) examinaram as inter-relações entre os componentes de produção na estimativa do índice de seleção para famílias de cana-de-açúcar no Programa de Desenvolvimento de Variedades da Louisiana (USA), e verificaram que os índices que incluem o número de colmos por planta, o diâmetro de colmos e a altura da planta proporcionaram os maiores avanços genéticos esperados.

Desta forma, o presente trabalho teve como objetivos: 1 - Avaliar um novo método de seleção, no qual, cada família é identificada por um valor denominado Ponto de Mérito de Família (PMF), que é obtido em função da média e do desvio padrão de cada família. 2 - Apresentar o PMF como um método que pode associar componentes de produção e Brix, possibilitando efetivar ganhos de seleção nesta e demais séries de hibridações. A hipótese é de que através dos PMFs, para os principais atributos de interesse agro-industrial, identifiquem-se famílias de maior potencial, correlacionando características de interesse e permitindo traçar estratégias peculiares para o programa de melhoramento da cana-de-açúcar.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram escolhidos 48 cruzamentos, gerando 16 famílias de irmãos completos e 32 de meios irmãos, conforme Tabela 1. Os cruzamentos foram escolhidos em função de experiências anteriores e por critérios de divergência genética molecular. Alguns genitores são cultivares e outros clones disponíveis no banco de genitores do programa Cana IAC.

O experimento foi instalado na unidade experimental do Centro de Cana do Instituto Agrônomo - IAC em Ribeirão Preto, (SP) em quatro blocos casualizados de 48 parcelas, sendo cada parcela constituída inicialmente por 50 plantas espaçadas de

1,5 m entre linhas e 0,6 m entre plantas, totalizando inicialmente 200 progênies diferentes por família. Para as bordaduras foi utilizada a cultivar IACSP95-5000.

As famílias foram originadas dos cruzamentos da série de hibridação 2007 do Instituto Agrônomo de Campinas, realizadas na Estação Experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agropecuário - EBDA, localizada na Ilha de Itaparica – BA, durante os meses de maio a julho de 2007. Os seedlings foram produzidos no Centro de Cana de Açúcar em Ribeirão Preto durante os meses de agosto a setembro e transplantados para o campo em 31 de outubro de 2007. Os tratamentos culturais foram efetivados ao longo dos ciclos de cultivo seguindo os procedimentos tradicionais, adubação, irrigação de instalação, controle de plantas daninhas e demais operações.

O primeiro ciclo de avaliações foi realizado em abril de 2008, determinando número de perfilhos, altura e diâmetro médio de colmos, bem como o peso de cada genótipo, representado pela touceira individual. Avaliaram-se também 24 touceiras da cultivar IACSP95-5000 (testemunha) por bloco. Para o segundo ciclo, soca de seedlings, colhidos em fevereiro de 2009, repetiram-se as avaliações do primeiro ciclo, acrescentando-se Brix.

Para a fase II da seleção, os 365 genótipos selecionados na fase I foram clonados e plantados em duas linhas de 4 m de comprimento espaçadas entre linhas de 1,5 m. Para a fase III, os 81 genótipos selecionados em fase II foram multiplicados em parcelas de seis linhas de 10 m espaçadas de 1,5 m. As produções nas fases I, II e III foram estimadas por $TCH = 0,007854 \times D^2 \times H \times \frac{NC}{E}$, (LANDELL & BRESSIANI, 2008), onde D= diâmetro (cm), H= altura (cm), NC= número de colmos/metro e E= espaçamento (m), sendo que na fase I foi suposto que a touceira ocupava o equivalente a 0,6 m da linha.

O Brix (sólidos solúveis) foi determinado em porcentagem de caldo utilizando o refratômetro de campo ATAGO tipo N-IE.

As avaliações iniciais foram realizadas por família, usando um modelo com efeito de blocos e genótipos dentro de blocos, obtendo-se a média de cada família, ajustadas para blocos, com auxílio do Proc GLM do programa SAS® (SAS 9.1, SAS Institute, Cary,

NC, USA). A variância de cada família foi estimada pelo método REML, com auxílio do Proc VARCOMP SAS[®]. As correlações fenotípicas entre TCH e Brix foram obtidas com auxílio do Proc Corr SAS[®] após ajuste para efeitos de blocos em soca de seedlings e cada família (8078 progênies, no total) e nas 96 touceiras da cultivar IACSP95-5000. Para as fases de seleções, I, II e III obtiveram-se as correlações fenotípicas, respectivamente entre os 365, 81 e 51 genótipos selecionados.

Os Pontos de Mérito de Família (PMF) de cada atributo, TCH e Brix, foram definidos como sendo a média + desvio padrão. Utilizando a distribuição normal espera-se que acima do PMF do atributo em cada família existam aproximadamente 16% de indivíduos.

As médias e desvios padrões foram corrigidos para efeitos de blocos usando a cultivar IACSP95-5000, presente em todos os blocos. Os PMF foram ordenados em ordem decrescente de PMF 1 a PMF 48 e considerado o valor do décimo maior PMF como parâmetro referência de seleção, identificado como PMFm (ponto de mérito de família mínimo). A hipótese é que as famílias com PMF abaixo do PMFm, possuem menor potencial para seleção de genótipos superiores no atributo de interesse, embora eventualmente possam apresentar indivíduos com potencial de serem selecionados. A escolha do décimo PMF foi inicialmente arbitrada para representar 20% das melhores famílias, em cada atributo, e é uma referência inicial que poderá ser ajustada em função da estratégia de seleção.

Sem conhecer a determinação do PMFm o experimento foi submetido à avaliação tradicional massal para TCH, realizado pelos melhoristas do Programa Cana IAC e os resultados desta etapa foram comparados com os obtidos na aplicação do método quantitativo PMFm, utilizando o usual teste t para dois grupos independentes. O objetivo dessa fase foi identificar se os valores dos PMFm podem melhorar a eficiência do processo seletivo.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os PMFs das 48 famílias e respectivas frequências de seleção massal estão na Tabela 1, das quais 47 apresentaram genótipos que avançaram da fase I para II, com base na seleção massal, totalizando 365 seleções. Em relação ao tipo de cruzamento observa-se que os Biparentais apresentaram percentual maior (31,25%) de famílias acima do PMFm TCH, o que possivelmente se deva ao direcionamento no planejamento e escolha dos parentais focados para esse atributo. Para Brix os policruzamentos apresentaram percentual superior (28,12%) de famílias acima do PMFm Brix, o que provavelmente esteja associado à maior variabilidade de combinações possíveis em policross e ausência de cruzamentos biparentais voltados para esse atributo. O número de aproximadamente 200 progênies amostradas dentro de cada família, tanto as oriundas de cruzamentos biparentais como as de policruzamentos envolvendo meios-irmãos, foi mais do que suficiente para garantir a representatividade genética de cada família (Tabela 1), pois de acordo com RESENDE & BARBOSA (2006), 100 indivíduos por família permitem uma representatividade de 99%. Amostras com mais de 50 indivíduos permitem capturar vários indivíduos medianos e alguns indivíduos extremos, os quais incluem genótipos superiores. Ainda de acordo com RESENDE & BARBOSA (2006), em famílias de meios-irmãos (Policross) 150 indivíduos são necessários para atingir uma representatividade de 98% da família.

Tabela 1. Famílias avaliadas, tipo de cruzamento, número de progênies avaliadas, PMF (ponto de mérito de família) para TCH e Brix, correlação fenotípica (Cor. Fen.) entre TCH e Brix e frequência de seleção massal nas fases I, II e III do programa de melhoramento de cana de açúcar.

Famílias	Tipo ⁽¹⁾ cruzamento	Parentais ⁽²⁾		Progênies avaliadas	PMF TCH	PMF Brix	Cor. Fen.	Prog. Selec. Fases I:II:III
		F	M					
28	BP	1	2	164	162,15	17,37	0,17	18:6:4
26	BP	3	4	165	183,06	16,85	0,04	14:1:1
18	BP	5	4	171	169,20 ⁽³⁾	17,21	0,01	11:1:1

Continua...

Tabela 1 Continuação.

Famílias	Tipo ⁽¹⁾ cruzamento	Parentais ⁽²⁾		Progênies avaliadas	PMF TCH	PMF Brix	Cor. Fen.	Prog. Selec. Fases I:II:III
		F	M					
51	BP	1	3	164	134,57	16,74	-0,15	11:0:0
29	BP	1	6	146	178,96	17,32	0,05	10:0:0
35	BP	2	3	176	173,91	16,76	-0,02	10:3:0
27	BP	5	2	155	148,36	17,61	0,05	8:3:3
38	BP	5	7	157	140,89	17,39	0,02	7:0:0
41	BP	8	1	186	170,10	17,57	0,04	6:0:0
70	BP	9	10	178	149,16	17,75	0,11	6:0:0
71	BP	5	11	173	149,25	17,53	0,00	6:3:2
90	BP	12	10	179	139,67	16,96	0,08	5:3:1
50	BP	14	15	175	149,64	17,37	-0,03	4:1:1
33	BP	16	13	145	155,66	16,63	0,04	3:0:0
34	BP	5	17	140	108,64	18,37	-0,05	2:0:0
39	BP	8	15	150	114,13	17,74	-0,02	2:1:1
117	PC	18	49	147	178,03	17,45	0,00	16:5:5
121	PC	19	49	178	139,02	17,52	0,04	15:4:0
62	PC	20	49	179	131,97	18,12	-0,05	13:2:0
85	PC	21	49	180	140,75	17,63	0,03	13:10:5
100	PC	22	49	177	146,00	16,85	0,02	13:2:1
66	PC	23	49	174	137,75	17,03	0,02	12:3:2
60	PC	24	49	162	154,38	17,48	0,06	11:2:2
87	PC	25	49	178	158,00	17,66	-0,06	11:0:0
94	PC	26	49	170	132,31	18,54	0,02	11:4:3
101	PC	27	49	180	155,49	17,10	0,15	11:4:3
99	PC	28	49	179	174,87	18,17	0,01	10:3:1
120	PC	29	49	155	144,50	15,78	-0,05	9:2:1
95	PC	30	49	167	158,44	17,51	0,08	8:2:2
102	PC	31	49	173	182,10	17,73	0,05	8:3:1
112	PC	32	49	165	139,22	18,16	0,13	8:3:2
69	PC	33	49	170	115,80	19,13	0,02	7:0:0
79	PC	34	49	164	131,62	17,44	-0,01	6:0:0
98	PC	35	49	178	139,55	16,66	0,05	6:0:0
119	PC	36	49	170	142,70	18,54	0,13	6:2:2
78	PC	37	49	163	153,33	17,63	0,14	5:1:1
104	PC	38	49	163	156,12	17,91	-0,04	5:0:0
106	PC	39	49	180	130,21	18,01 ⁽⁴⁾	0,03	5:0:0
107	PC	40	49	169	140,50	17,50	-0,01	5:2:2
61	PC	41	49	164	140,50	17,50	-0,10	4:0:0
63	PC	5	49	148	180,52	18,82	-0,05	4:2:1

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Famílias	Tipo ⁽¹⁾ cruzamento	Parentais ⁽²⁾		Progênes avaliadas	PMF TCH	PMF Brix	Cor. Fen.	Prog. Selec. Fases I:II:III
		F	M					
65	PC	42	49	152	151,31	17,32	0,23	4:1:1
123	PC	43	49	176	170,47	17,64	-0,03	4:1:1
59	PC	44	49	151	145,84	16,63	0,10	3:0:0
76	PC	45	49	176	125,15	18,34	0,00	3:0:0
77	PC	46	49	180	139,31	17,70	-0,07	3:0:0
80	PC	47	49	183	132,31	17,32	0,12	3:1:1
118	PC	48	49	149	133,91	17,64	0,06	0:0:0
IACSP95-5000							0,09	

⁽¹⁾BP – biparentais; PC – Policruzamento. ; ⁽²⁾Parentais: **1=** IACSP95-2078, **2=** IACSP94-2094, **3=** SP83-2847; **4=**IACSP95-5011; **5=**IACSP97-6680; **6=**IACSP96-2019; **7=**IAC91-3111; **8=**IACSP95-3028; **9=** SP89-1115; **10=**IACSP97-6682; **11=**SP84-7017; **12=**IACSP96-2042; **13=**SP80-185; **14=**CT97-3060; **15=**SP79-1011; **16=**IAC91-2195; **17=**SP80-3280; **18=**IACSP99-3015; **19=**IACSP99-3357; **20=**IACSP983022; **21=**IACSP96-3055; **22=**IACSP96-3076; **23=**IACSP98-3099; **24=**IACSP98-6202; **25=**IACSP98-6209; **26=**IACSP96-2008; **27=**IACSP97-3311; **28=**IACSP96-2067; **29=**IACSP99-3090; **30=**IACSP94-1104; **31=**IACSP97-6619; **32=**IACSP95-2237; **33=**IACSP98-2053; **34=**IACSP96-1107; **35=**IACSP96-3161; **36=**IACSP99-3049; **37=**IACSP97-7077; **38=**IACSP98-3051; **39=**IACSP98-3068; **40=**IACSP98-3067; **41=**IACSP95-2216; **42=**IACSP98-3056; **43=**IACSP96-3203; **44=**IACSP96-2037; **45=**IACSP98-3028; **46=**IACSP96-3200; **47=**IACSP99-3009; **48=**IACSP99-3032; **49=**Parental masculino desconhecido; ⁽³⁾ 10º PMF TCH; ⁽⁴⁾ 10º PMF Brix.

Da fase II para III observa-se a contribuição de 29 famílias, representando 81 genótipos selecionados (Tabela 2). Deste grupo, as famílias 29 e 41, mesmo apresentando ponto de mérito para TCH acima do mínimo, (169,20 toneladas/ha) não contribuíram com genótipos selecionados, pois apresentou notas variando de 4 a 9 para ferrugem marrom, *Puccinia melanocephala*, o que inviabilizou seleção nesta etapa.

Na seleção de fase III para IV, os 51 genótipos selecionados foram representados por 27 famílias com destaque para as frequências de seleção das famílias 117 e 85 (Tabela 1). Esta última, embora tenha apresentado PMF-TCH abaixo do mínimo foi beneficiada na seleção massal pelo excelente hábito de crescimento e porte de touceiras, o que é um dos critérios determinantes na seleção desenvolvida pelo Programa Cana do Instituto Agrônomo. Esse tipo de informação geralmente não é quantificado pelos métodos, porém o conhecimento tácito do melhorista, associado à

utilização da seleção massal (visual) permitem sua identificação, o que indica a necessidade de ajustes nos métodos quantitativos.

Tabela 2. Genótipos e famílias selecionados nas fases I, II e III, classificados com PMFm, % de seleção massal, médias de TCH e Brix na fase I.

Fases	Genótipos	Famílias	PMFm ⁽¹⁾ TCH	PMFm ⁽¹⁾ Brix	PMFm ⁽¹⁾ TCH e Brix	Selecionadas Gen. (%)	Médias TCH	Médias Brix
I	8078	48	823	707	69	365 4,52%	185,57	16,01
II	365	47	182	37	17	81 22,19%	190,66	16,13
III	81	27	44	12	8	51 62,96%	195,64	16,27

⁽¹⁾PMFm = Ponto de Mérito de Família mínimo

O critério visual auxilia na definição do perfil da variedade adaptada à colheita mecanizada, com interferências na qualidade da matéria prima entregue na indústria. Observa-se na Tabela 2, que a seleção massal, teve os seguintes percentuais entre as fases: de 4,52% na fase I, 22,19% na fase II e 62,96% na fase III. Estas taxas são bastante distintas, variando em função da estratégia de cada programa de melhoramento, porém com probabilidade de elevar-se a partir das fases clonais.

BRESSIANI (2001) apresentando fluxograma do Programa de seleção clonal da Copersucar, atual Centro de Tecnologia Canavieira, cita taxas de 15%, 12% e 13% respectivamente para as etapas I, II e III.

Observa-se nas seleções aplicadas nas fases I, II e III, (Tabela 3), que as médias da fase I para TCH aumentaram em torno de 5 toneladas e o Brix de 0,13 por fase. A quase estabilidade do Brix ao longo das fases deve-se provavelmente a ausência de seleção direcionada para esse atributo. Identificaram-se na fase I da seleção massal em soca de plantas, o total de 365 genótipos, conforme Tabela 2, para avaliação na fase II, que foram classificados e avaliados, conforme Tabela 3.

Para o PMFm TCH, obtiveram-se 182 genótipos com média de TCH duas vezes maior que os demais 183 com seleção massal abaixo do PMFm TCH. As médias de Brix desses dois grupos foram similares, o que confirma que a seleção massal não é adequada para Brix.

Tabela 3. Número de genótipos, médias e desvios padrões do TCH e do Brix, na fase I, acima e abaixo PMFm da fase I, em relação aos 365 genótipos selecionados para fase II.

Descrição	Nº Genótipos	TCH	SD	Brix	SD
Acima PMFm TCH	182	250,76a	74,39	15,87a	1,79
Abaixo PMFm TCH	183	120,73b	30,15	16,14a	1,68
Acima PMFm Brix	37	190,22a	94,09	18,83a	0,54
Abaixo PMFm Brix	328	185,04a	85,50	15,69b	1,52
Acima PMFm TCH e Brix	17	266,11a	85,91	18,87a	0,59
Abaixo PMFm TCH e Brix	348	181,63b	84,47	15,87b	1,65

Médias com letras iguais não diferem estatisticamente ($p>0,05$) acima e abaixo PMFm nas colunas; PMFm = Ponto de Mérito de Família mínimo; SD= Desvio Padrão.

Quanto ao PMFm Brix o número de genótipos identificados pela seleção massal foi muito inferior, 37 se comparado aos 328 genótipos sem a utilização desse critério. As médias de TCH foram similares e o Brix do grupo foi significativamente maior, com médias de 18,83 e 15,69 respectivamente. Por esses dados pode-se inferir o potencial de ganho ao se associar métodos ou índices que contribuam para identificar o atributo Brix já na fase I de seleção, neste caso com grandeza de ganhos superiores a três pontos. PEDROZO et al. (2009) citam a seleção indireta via caracteres correlacionados como uma estratégia a ser utilizada nas fases iniciais de seleção.

Na avaliação dos 81 genótipos selecionados para a fase III realizada em duas linhas de 4 m para cada genótipo, obteve-se 44 dos selecionados pelo método PMFm TCH, e 37 sem a utilização do critério. Nesta etapa observam-se médias de TCH e de Brix estatisticamente semelhantes (Tabela 4).

Quanto aos PMFm Brix, o número de genótipos identificados pelo PFMm em relação seleção massal (visual) foi muito inferior (12). As médias de TCH não diferiram estatisticamente e a média do Brix do grupo foi significativamente maior, com 18,95 e 15,68 respectivamente, resultados similares ao da fase II. Esses resultados mostram que a eficiência do método quantitativo é maior para Brix do que para o TCH, o que está em acordo com a seleção massal utilizada e com o fato do Brix mostrar maior herdabilidade que o TCH (BRESSIANI, 2001).

Tabela 4. Número de genótipos, médias e desvios padrões do TCH e do Brix, na fase II, acima e abaixo PMFm da fase I, em relação aos 81 genótipos selecionados para fase III.

Descrição	Nº Genótipos	TCH	SD	Brix	SD
Acima PMFm TCH	44	182,56a	43,61	16,01a	2,07
Abaixo PMFm TCH	37	187,00a	39,83	16,34a	1,52
Acima PMFm Brix	12	177,58a	41,18	18,95a	0,48
Abaixo PMFm Brix	69	185,81a	42,01	15,68b	1,52
Acima PMFm TCH e Brix	8	166,93a	38,62	18,92a	0,53
Abaixo PMFm TCH e Brix	73	186,52a	45,85	15,86b	1,67

Médias com letras iguais não diferem estatisticamente ($p>0,05$) acima e abaixo PMFm, nas colunas; PMFm = Ponto de Mérito de Família mínimo; SD=Desvio Padrão.

Para a avaliação dos 51 genótipos selecionados para a fase IV foram utilizadas seis linhas de 10 m para cada genótipo (Tabela 5).

Tabela 5. Número de genótipos, médias e desvios padrões do TCH e do Brix, na fase III, acima e abaixo PMFm da fase I, em relação aos 51 genótipos selecionados para fase IV.

	Nº Genótipos	TCH	SD	Brix	SD
Acima PMFm TCH	25	97,66a	19,54	16,89a	1,45
Abaixo PMFm TCH	26	94,07a	21,07	17,16a	1,37
Acima PMFm Brix	12	94,12a	21,56	17,63a	1,36
Abaixo PMFm Brix	39	96,36a	20,04	16,84b	1,44
Acima PMFm TCH e Brix	8	95,56a	12,97	17,47a	1,46
Abaixo PMFm TCH e Brix	43	95,88a	21,41	16,95a	1,40

Médias com letras iguais não diferem estatisticamente ($p>0,10$) acima e abaixo PMFm na coluna; PMFm = Ponto de Mérito de Família mínimo; SD= Desvio Padrão.

Os resultados dessa fase são também similares aos das fases anteriores. Observa-se, no entanto, nos 25 genótipos selecionados pelo método PMFm como nos 26 abaixo, as médias de TCH e de Brix são estatisticamente semelhantes (Tabela 5). Quanto aos PMFm Brix, os genótipos identificados pela seleção massal visual foram exatamente os mesmos, ou seja, 100% em relação ao subgrupo da fase anterior, enquanto que no subgrupo abaixo PMFm Brix foram selecionados 39 genótipos (56,6%). Nesse sentido, a inclusão do PMFm Brix mostrou-se efetiva. As médias de

TCH foram similares e o Brix do grupo foi significativamente maior, com 17,63 e 16,84 respectivamente.

As correlações fenotípicas entre TCH e Brix nas progênies das famílias, ciclo soca de seedlings e nas touceiras da cultivar IACSP95-5000 estão apresentadas na Tabela 1. Observa-se que a maioria das famílias não possui correlação significativa entre os dois atributos ($p > 0,10$), porém em duas observam-se correlações negativas ($p > 0,10$) e em sete correlações positivas. Observa-se também, que 23% do total de 69 genótipos identificados com PMFm para os dois atributos estão em sete famílias que apresentaram correlações positivas para TCH e Brix.

Destaca-se que a família 119 contém 10% das progênies que contemplam os dois atributos acima dos PMFm (TCH e Brix). Pela correlação significativa apresentada, essa família é provavelmente fonte de genótipos superiores. Quando a análise limita-se aos clones selecionados na fase I (365), II (81) e III (51), as correlações foram respectivamente de - 0,0822, - 0,0058 e - 0,0346, todas com $p > 0,10$; observa-se assim, que a seleção massal (visual) não é uma ferramenta adequada para a identificação desses atributos correlacionados. Quanto a cultivar IACSP95-5000 a correlação foi 0,09 ($p > 0,10$), indicando que no mesmo genótipo a associação ambiental entre TCH e Brix foi baixa.

4. CONCLUSÕES

1. A inclusão do PMFm, principalmente para o Brix, pode ser utilizada como método de seleção para contribuir com ganhos genéticos no melhoramento da cana-de-açúcar.
2. Os PMFm de TCH e de Brix quando associados auxiliam na identificação de famílias que apresentam maiores frequências de genótipos superiores.

REFERÊNCIAS

- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.S.A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.443-450, 2005.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.S.A.; BRESSIANI, J.A., SILVEIRA, L.C.I.; SILVA, F.L.; FIGUEIREDO, I.C.R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.218-226, 2004.
- BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001, 134p. Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- COX, M.C.; HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Ed.). **Manual of cane growing**. Indoooropilly: BSES, 2000. P.91-108.
- KIMBENG, C.A.; COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**. v.23, p.20-39, 2003.
- 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**. Campinas: IAC, 2008. p.101-155.
- McRAE, T.A.; ERQUIAGA, D.L.; JENSEN, L.F.; RATTERY, A.R.; STRINGER, J.K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 1998, Brisbane. **Proceedings**. Watson Ferguson: ISSCT, 1998. P.196-203.

- OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOD-FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; RESENDE, M.C.V.; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agrária**, v.9, p.269-274, 2008.
- PEDROZO, C.A.; BENITES, F.R.G.; BARBOSA, M.H.P.; DA SILVA, F.L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, v.10, p.31-36, 2009.
- RESENDE, M.D.V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação tecnológica, 2002. 975p.
- RESENDE, M.D.V. de; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated individual BLUP basead on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.3, p.421-429, 2006.
- SOUZA-VIEIRA, O.; MILLIGAN, S.B. Effect of intrarow plant spacing on the effectiveness of family selection in sugarcane: Selection indices. **Interciência**, v.34, n.12, p. 893-896, 2009.

CAPÍTULO 3 – ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS E PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR

RESUMO - Modelos de estimação são utilizados para avaliação de componentes de variância em estudos de famílias de cana-de-açúcar. Neste trabalho foram comparados dois modelos aleatórios, MIVQUE(0) e REML, e dois fixos, LSMEANS e PMF. Quanto às ordenações de famílias para TCH e Brix, notam-se pequenas alterações entre os dois estimadores aleatórios e o LSMEANS. Para o PMF, que considera os desvios padrões dentro de famílias, houve trocas de ordenações. As amplitudes de predição entre famílias utilizando MIVQUE(0) foram de 2,98 e 32,72, respectivamente para Brix e TCH, demonstrando existência de variabilidade entre as famílias. Para as predições individuais (progênies) foi utilizado somente o método MIVQUE(0), que em função do tamanho da amostra, 200 progênies por família apresenta-se como eficiente modelo de predição. Das 365 progênies selecionadas, 305 encontram-se entre as de maior valor de predição para TCH e somente 37 para Brix, o que sugere a necessidade de adoção de estratégias combinadas para a seleção de clones elites. Quanto às herdabilidades médias entre famílias, para a hipótese de 80 progênies, as estimativas de 0,64 para TCH e 0,86 para Brix indicam eficiência na utilização de seleção tanto entre quanto dentro das famílias. O atributo biométrico mais correlacionado com TCH e biomassa foi o número de colmos no ciclo de cana soca, 0,79 e 0,85 respectivamente.

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

GENETIC PARAMETERS ESTIMATES IN FAMILIES AND PROGENIES OF SUGARCANE

SUMMARY - Estimation models are used to evaluate of variance components in studies of sugarcane families. This paper compared the MIVQUE (0) and REML random models and LSMEANS and FMP, fixed models. Concerning the ranks of families to TSH and Brix, low changes were observed between the two random estimators and LSMEANS. To the FMP, that considers the standard deviations within families, there was exchange of ranks. The range of prediction between families with MIVQUE (0) approach were 2.98 and 32.72, respectively to Brix and TSH, showing the existence of variability between families. To the individual predictions (progenies), only the method MIVQUE (0) was used, due the sample size, 200 progenies per family showed an efficient prediction model. From 365 selected progenies, 305 are among the highest predicted value to TSH and to Brix only 37, suggesting the need to adopt combined strategies for identifying elite clones. The estimation of the heritability mean between families for hypothesis of 80 progenies was 0.64 for TSH and 0.86 for Brix. Indicating efficiency in the selection between and within families. Stalk number in ratoon cane cycle was the main biometric feature associated and strongly correlated with TSH and biomass, 0.79 and 0.85 respectively.

Keywords: heritability, crop breeding, *Saccharum spp.*

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, a cana-de-açúcar ocupa área estimada de 8.434,3 mil hectares distribuídos em diversos estados: São Paulo, 52,6%, Minas Gerais, 9%, Goiás, 7,97%, Paraná, 7,26%, Mato Grosso do Sul, 5,7%, Alagoas, 5,39% e Pernambuco, 3,85% (CONAB, 2011). Estas áreas são destinadas a atender diversos produtos, dentre os quais o etanol, açúcares, bioeletricidade e polímeros. Também merecem destaque atualmente a utilização de subprodutos dos processos industriais, resíduos como vinhaça, bagaço e torta de filtro, os quais apresentam alto valor agregado, tornando-se importantes fontes para a composição de fertilizantes utilizados na própria cultura (CANTARELLA, 2010).

Diante da relevância e do impacto ambiental positivo gerado a partir da utilização de fontes renováveis, a cana-de-açúcar tem possibilitado ao país ocupar posição de destaque no cenário da produção sustentável nacional e internacional. Por outro lado, é nítida a necessidade de correções estruturais no modelo de produção atualmente realizada no Brasil, principalmente em relação à perda de competitividade nos custos de produção verificados nos últimos 5 anos. Neste contexto é indispensável o desenvolvimento de novas tecnologias varietais, métodos de seleção e processos que possibilitem e facilitem mensurar a evolução genética e tecnológica das famílias de cana-de-açúcar, representada respectivamente pelos parâmetros genéticos e de fenótipo (PERECIN et al., 2009).

Uma das formas de avançar nos indicadores é pelo melhoramento genético associado a técnicas de manejo agrônomo que devem ser traduzidos, sobretudo em rentabilidade econômica. No caso de cana-de-açúcar os atributos fenotípicos alvo são: sacarose e produção de cana.hectare⁻¹ e os genotípicos são herdabilidades e correlações entre atributos que permitam sua utilização para a prática de seleção indireta, truncada e combinada. Nesse contexto, este capítulo tem como objetivos avaliar as famílias de cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento do IAC, série de hibridação 2007 em relação a: 1) Ordenação das famílias por modelos mistos e

modelos fixos; 2) Distribuição da predição e dos genótipos selecionados; 3) Herdabilidades e Correlações de atributos biométricos, ciclo de cana planta e soca.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi organizado no delineamento em quatro blocos casualizados, cada bloco com 48 famílias, em princípio com 50 plantas cada e 24 touceiras da cultivar IACSP95-5000 utilizada como testemunha. O ajuste das médias foi realizado em função da testemunha comum em todos os blocos, utilizando o Proc Glm do SAS (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA). Os preditores foram obtidos com auxílio de modelo misto, Proc Mixed do SAS, usando blocos como efeitos fixos e as famílias e suas progênes como efeitos aleatórios. As variâncias foram estimadas pelos métodos MIVQUE(0) e REML e os PMFs foram obtidos segundo metodologia descrita no capítulo 2. As correlações foram obtidas, usando o Proc Corr do SAS, com ajustes para os efeitos de blocos. Para identificação do número de progênes, admitindo coeficiente de variação (CV) até 10%, foi utilizado o fato da variância da média ser igual a variância dentro da família dividido pelo tamanho da amostra. Desse fato resulta, $CV_m = CV_i / (n^{1/2})$, em que CV_m é o coeficiente de variação obtido com n indivíduos e CV_i é obtido com um indivíduo. Sendo o CV dentro (genética+ambiental) menor que 10%, certamente o ambiental terá como teto os 10% e há garantias de representatividade da média das famílias.

Quanto aos atributos biométricos, foram avaliados conforme descrito a seguir:

1. Comprimento dos colmos: mensurado com o auxílio de uma régua graduada (trena) com intervalos de 1 cm, medido da base à inserção da folha +3 no momento da colheita (6 meses ciclo de cana planta e 10 meses após colheita do primeiro ciclo para cana soca).
2. Diâmetro dos colmos: mensurado com o auxílio de um paquímetro. As leituras foram realizadas no centro do entrenó localizado no terço intermediário do colmo. Foram realizadas leituras em colmos representativos do indivíduo (touceira), no momento da colheita (6 meses ciclo de cana planta e 10 meses após colheita do primeiro ciclo para cana soca)
3. Número de colmos/touceira: contagem do número de colmos por indivíduo aos seis meses na cana planta e na soca.
4. Estimativa de TCH (tonelada de cana por hectare) utilizando-se dos dados biométricos ($TCH = 0,007854 \times D^2 \times H \times \frac{NC}{E}$), conforme LANDELL & BRESSIANI (2008), onde D= diâmetro (cm), H= altura (cm), NC= número de colmos/metro e E= espaçamento (m), sendo que foi suposto que a touceira ou planta ocupava o equivalente a 0,6 m da linha. Para o ciclo de cana planta realizado aos 6 meses após o plantio e no ciclo de cana soca aos 10 meses após a colheita do primeiro corte.
5. Biomassa avaliada pelo peso da touceira e multiplicação pelo fator de expansão para hectare (11,11) realizado em ciclo de cana planta e soca nas mesmas idades fisiológicas da estimativa para TCH.

6. Brix: determinado com o auxílio de um refratômetro de campo. Representado por uma leitura simples no caldo de colmos do indivíduo (touceira) no momento da colheita.

Componentes de Variância e Herdabilidades

Dentro de Família

As estimativas das variâncias dentro das progênes de cada família foram obtidas usando o SAS®, 9.1, Proc. Varcomp method REML, ajustando-se para efeito de blocos. O resíduo do modelo estima a variância dentro de famílias (σ_{gw}^2), genética + ambiental restrita. No caso da cultivar IACSP95-5000 todas as plantas são geneticamente iguais e a variância dentro dos blocos estima a variância ambiental restrita (σ_e^2)

A herdabilidade no sentido amplo para seleção de planta dentro da família é dada por:
$$h_{id}^2 = \frac{(\sigma_{gw}^2 - \sigma_e^2)}{\sigma_{gw}^2}$$

Com todas as famílias os modelos, permitem estimar:

- 1) Variância genética entre famílias = σ_{gb}^2 ;
- 2) Variância residual média dentro das parcelas = σ_{dm}^2 (genética + ambiental restrita)

A herdabilidade individual no sentido amplo para seleção de plantas nos blocos é:
$$h_i^2 = \frac{\sigma_{gb}^2}{(\sigma_{gb}^2 + \sigma_{dm}^2)}$$
, segundo VENCOVSKY & BARRIGA (1992), DUARTE et al. (2001).

A herdabilidade prevista para seleção de famílias (médias de progênies) para a hipótese de 2 blocos com 40 progênies cada, atualmente utilizada pelo Programa Cana

$$\text{IAC será: } h_m^2 = \frac{\sigma_{gb}^2}{\left(\sigma_{gb}^2 + \frac{\sigma_{dm}^2}{80} \right)}.$$

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A) Ordenação e predição

Nota-se nas Tabelas 1 e 2 que para os dois métodos com modelos mistos há perfeita concordância quanto a ordenação das predições, o que está em acordo com as propriedades demonstradas em DUARTE et al. (2001). Em relação às médias ajustadas (modelos fixos) há pequenas trocas de ordenação em relação aos modelos mistos adotados, mas em geral há boa concordância (91,6%), o que possivelmente se deva ao número de progênies utilizadas por família (quase 200). Esse tamanho de amostra faz com que o resultado da média das famílias se aproxime do potencial genético, (BRESSIONI, 2001).

Com os PMF ocorreram trocas de ordenações em relação aos valores genéticos ou com as médias. Isso se deve ao fato do PMF incluir variâncias (genéticas + ambientais) dentro das famílias, devido à inclusão do desvio padrão dentro de cada família. Famílias com variância entre progênies mais altas contribuem para melhorar a ordenação das famílias. Por exemplo, para TCH as famílias 29 e 123 que no valor genético ocupavam respectivamente a 8ª e a 11ª, passaram a ocupar a 4ª e a 8ª classificação. No entanto, 16% das famílias foram concordantes para Brix e TCH, mantendo as ordenações do método MIVQUE(0)

Os preditores, as médias e os PMFs das famílias em ordem decrescente estão na Tabela 3 para Brix. Os preditores (valor genético) são ganhos mais ou menos esperados em relação à média geral.

Tabela 1. Ordenação das famílias para Brix em função dos preditores obtidos por modelos mistos, métodos REML (SAS) e (MIVQUE(0), médias ajustadas (LSMEANS) e dos PMFs

Famílias	Valor genético		Média	Ponto de Mérito de Família
	REML	MIVQUE(0)	LSMEANS	PMF
69	2	2	3	1
63	3	3	2	2
94	5	5	5	3
119	1	1	1	4
34	6	6	6	5
76	18	18	18	6
99	11	11	11	7
112	31	31	31	8
62	7	7	7	9
106	9	9	9	10
104	8	8	8	11
80	13	13	13	12
70	20	20	20	13
39	26	26	26	14
102	19	19	19	15
77	17	17	17	16
87	15	15	15	17
118	30	30	30	18
123	10	10	10	19
78	14	14	14	20
85	12	12	12	21
27	25	25	25	22
41	16	16	16	23
71	32	32	32	24
121	24	24	24	25
95	39	39	40	26
107	27	27	27	27

Continua

Tabela 1. Continuação...

Famílias	Valor genético		Média	Ponto de Mérito de Família
	REML	MIVQUE(0)	LSMEANS	PMF
61	41	41	41	28
60	35	35	35	29
117	29	29	29	30
79	34	34	34	31
38	4	4	4	32
50	23	23	23	33
28	22	22	22	34
29	28	28	28	35
65	38	38	38	36
18	21	21	21	37
101	42	42	42	38
66	43	43	43	39
90	40	40	39	40
100	37	37	37	41
26	33	33	33	42
35	36	36	36	43
51	44	44	44	44
98	45	45	45	45
59	46	46	46	46
33	47	47	47	47
120	48	48	48	48

Tabela 2. Ordenação das famílias para TCH em função dos preditores obtidos por modelos mistos, métodos REML (SAS) e (MIVQUE(0)), médias ajustadas (LSMEANS) e dos PMFs

Famílias	Valor genético		Média	Ponto de Mérito de Família
	REML	MIVQUE(0)	LSMEANS	PMF
26	2	2	2	1
102	1	1	1	2
63	6	6	6	3
29	8	8	8	4
117	3	3	3	5
99	7	7	7	6
35	9	9	9	7
123	11	11	11	8
41	4	4	4	9
18	5	5	5	10
28	13	13	13	11
95	12	12	12	12
87	10	10	10	13
104	14	14	14	14
33	16	16	16	15
101	18	18	18	16
60	17	17	17	17
78	21	21	21	18
65	20	20	20	19
50	25	25	26	20
71	22	22	22	21
70	30	30	30	22
27	38	38	38	23
100	15	15	15	24
59	27	27	28	25
120	19	19	19	26
119	33	33	33	27
38	29	29	29	28
85	26	26	25	29
107	34	34	34	30
61	46	46	46	31
90	31	31	31	32

Continua...

Tabela 2. Continuação.

Famílias	Valor genético		Média	Ponto de Mérito de Família
	REML	MIVQUE(0)	LSMEANS	PMF
98	24	24	24	33
112	23	23	23	34
121	35	35	35	35
66	28	28	27	36
51	37	37	37	37
118	43	43	43	38
94	36	36	36	39
80	42	42	42	40
62	41	41	41	41
79	39	39	39	42
106	40	40	40	43
76	44	44	44	44
77	32	32	32	45
69	47	47	47	46
39	45	45	45	47
34	48	48	48	48

Para Brix (Tabela 3) os preditores mostram concordância perfeita de ordenação entre os métodos REML e MIVQUE(0) (100%). A variação de 1,24 (família 119) a -1,75 (família 120) indicam uma amplitude para REML de 2,99. Quando utilizado MIVQUE(0) a amplitude para Brix foi de 2,98, mostrando variabilidade para o atributo, o que é favorável para as estratégias de seleção dos programas de melhoramento. Quanto às médias ajustadas (LSMEANS) a concordância na ordenação com os modelos mistos foi de 91,6%. Houve variação de 16,86 a 13,63 com amplitude de 3,23. Essa maior amplitude das médias, em relação às predições, é esperada, conforme relatado por RESENDE (2005) e CANDIDO (2009) e se devem ao fato de ser mais fenotípica do que as predições, que são mais genéticas.

Com a utilização dos PMFs ocorreram variações na ordenação, o que se deve ao fato do método considerar a inclusão dos desvios em sua formação. Os valores de PMF variaram de 19,13 (família 69) para 15,78 (família 120), com amplitude de 3,35, o que demonstra variabilidade entre famílias.

Tabela 3. Ordenação decrescente das estimativas de Brix das 48 famílias (soca de seedlings), pela predição com métodos REML e MIVQUE(0), pelas médias ajustadas (LSMEANS), pelos PMFs e amplitude das estimativas.

Famílias	Brix REML	Famílias	Brix MIVQUE(0)	Famílias	Brix LSMEANS	Famílias	Brix PMF
119	1,24	119	1,24	119	16,86	69	19,13
69	1,04	69	1,04	63	16,65	63	18,82
63	1,04	63	1,03	69	16,65	94	18,54
38	0,92	38	0,92	38	16,52	119	18,54
94	0,90	94	0,90	94	16,50	34	18,37
34	0,78	34	0,77	34	16,37	76	18,34
62	0,48	62	0,48	62	16,04	99	18,17
104	0,45	104	0,45	104	16,01	112	18,16
106	0,44	106	0,43	106	15,99	62	18,12
123	0,41	123	0,41	123	15,97	106	18,01
99	0,39	99	0,39	99	15,95	104	17,91
85	0,36	85	0,36	85	15,91	80	17,84
80	0,34	80	0,34	80	15,89	70	17,75
78	0,32	78	0,32	78	15,87	39	17,74
87	0,29	87	0,28	87	15,83	102	17,73
41	0,24	41	0,24	41	15,78	77	17,70
77	0,22	77	0,22	77	15,76	87	17,66
76	0,16	76	0,16	76	15,70	118	17,64
102	0,16	102	0,15	102	15,69	123	17,64
70	0,11	70	0,11	70	15,64	78	17,63
18	0,05	18	0,05	18	15,58	85	17,63
28	0,05	28	0,05	28	15,58	27	17,61
50	0,03	50	0,03	50	15,56	41	17,57
121	0,02	121	0,02	121	15,55	71	17,53
27	0,00	27	0,00	27	15,53	121	17,52
39	-0,01	39	-0,01	39	15,51	95	17,51
107	-0,08	107	-0,08	107	15,43	107	17,50
29	-0,12	29	-0,12	29	15,40	61	17,48
117	-0,12	117	-0,12	117	15,40	60	17,48
118	-0,17	118	-0,17	118	15,34	117	17,45

Continua...

Tabela 3. Continuação.

Famílias	Brix REML	Famílias	Brix MIVQUE(0)	Famílias	Brix LSMEANS	Famílias	Brix PMF
112	-0,17	112	-0,17	112	15,34	79	17,44
71	-0,21	71	-0,21	71	15,30	38	17,39
26	-0,23	26	-0,23	26	15,28	50	17,37
79	-0,25	79	-0,24	79	15,26	28	17,37
60	-0,26	60	-0,26	60	15,24	29	17,32
35	-0,29	35	-0,29	35	15,21	65	17,32
100	-0,35	100	-0,35	100	15,15	18	17,21
65	-0,38	65	-0,38	65	15,12	101	17,10
95	-0,39	95	-0,39	90	15,10	66	17,03
90	-0,40	90	-0,39	95	15,10	90	16,96
61	-0,40	61	-0,40	61	15,09	100	16,85
101	-0,41	101	-0,41	101	15,08	26	16,85
66	-0,68	66	-0,68	66	14,80	35	16,76
51	-0,77	51	-0,77	51	14,70	51	16,74
98	-0,80	98	-0,79	98	14,68	98	16,66
59	-0,96	59	-0,96	59	14,49	59	16,63
33	-1,24	33	-1,23	33	14,18	33	16,63
120	-1,76	120	-1,75	120	13,63	120	15,78
Amplitude	3,00		2,98		3,23		3,35

REML: Restricted Maximum Likelihood, MIVQUE(0): Minimum variance quadratic unbiased estimator
 LSMEANS: Least square means, PMF: Ponto de mérito de família.

Para TCH (Tabela 4) há concordância perfeita da ordenação das famílias entre os métodos REML e MIVQUE(0). Para este, a amplitude dentro dos modelos mistos foi de 33,04 e 32,72, respectivamente. Para as médias ajustadas, a amplitude entre as respostas das famílias foi de 42,81 TCH, ou seja, a amplitude de predição do REML e do MIVQUE(0) foi 24% e 23,8% menores que a das médias ajustadas, fenômeno conhecido como “shrinkage” (RESENDE, 2002) e atribuído ao efeito mais genético das predições.

Neste caso a seleção individual praticada a partir das famílias com maiores médias pode ser uma boa estratégia para identificação de genótipos superiores para TCH (KIMBENG & COX, 2003). Quanto aos PMFs há maior amplitude entre as famílias, variando de 183,06 a 108,64. Esta maior amplitude é justificável, pois para

esse atributo de produção os maiores efeitos dos desvios são decorrentes dos efeitos ambientais (BRESSIANI, 2001). A utilização do método PMF possibilita identificar e classificar famílias que associem médias e variabilidade, o que pode auxiliar na identificação de genótipos elites. Este método é de fácil construção, aplicação e interpretação, sendo ainda flexível em relação ao atributo de interesse do melhorista, podendo variar em função dos anos e da estratégia de seleção a ser utilizada em cada uma das regiões de estudo.

Tabela 4. Ordenação decrescente das estimativas de TCH das 48 famílias (soca de seedlings), pela predição dos métodos REML e MIVQUE(0), pelas médias ajustadas (LSMEANS), pelos PMFs e amplitude das estimativas.

Famílias	TCH REML	Famílias	TCH MIVQUE0	Famílias	TCH LSMEANS	Famílias	TCH PMF
102	16,93	102	16,78	102	106,91	26	183,06
26	15,29	26	15,15	26	105,03	102	182,10
117	14,66	117	14,51	117	104,73	63	180,52
41	13,21	41	13,10	41	101,96	29	178,96
18	12,71	18	12,60	18	101,61	117	178,03
63	11,77	63	11,65	63	100,90	99	174,87
99	10,59	99	10,48	99	99,63	35	173,91
29	10,34	29	10,23	29	99,07	123	170,47
35	9,54	35	9,46	35	97,52	41	170,10
87	8,26	87	8,19	87	95,88	18	169,20
123	7,73	123	7,66	123	95,23	28	162,15
95	6,15	95	6,09	95	93,32	95	158,44
28	5,32	28	5,27	28	92,30	87	158,00
104	4,02	104	3,99	104	90,65	104	156,12
100	4,00	100	3,96	100	90,52	33	155,66
33	3,70	33	3,67	33	90,37	101	155,49
60	3,43	60	3,40	60	89,89	60	154,38
101	2,68	101	2,66	101	88,86	78	153,33
120	1,78	120	1,76	120	87,79	65	151,31
65	1,12	65	1,11	65	86,94	50	149,64
78	0,40	78	0,39	78	86,00	71	149,25

Continua...

Tabela 4. Continuação.

Famílias	TCH REML	Famílias	TCH MIVQUE0	Famílias	TCH LSMEANS	Famílias	TCH PMF
71	-1,65	71	-1,64	71	83,40	70	149,16
112	-1,98	112	-1,96	112	82,95	27	148,36
98	-2,34	98	-2,32	98	82,55	100	146,00
50	-2,46	50	-2,44	85	82,39	59	145,84
85	-2,47	85	-2,45	50	82,38	120	144,50
59	-2,68	59	-2,65	66	82,02	119	142,70
66	-2,74	66	-2,71	59	82,00	38	140,89
38	-2,88	38	-2,86	38	81,76	85	140,75
70	-3,38	70	-3,35	70	81,24	107	140,50
90	-3,51	90	-3,48	90	81,08	61	140,50
77	-3,78	77	-3,75	77	80,75	90	139,67
119	-4,50	119	-4,46	119	79,77	98	139,55
107	-4,56	107	-4,52	107	79,69	112	139,22
121	-4,88	121	-4,84	121	79,35	121	139,02
94	-5,18	94	-5,13	94	78,91	66	137,75
51	-5,34	51	-5,29	51	78,65	51	134,57
27	-5,89	27	-5,83	27	77,85	118	133,91
79	-6,08	79	-6,03	79	77,71	94	132,31
106	-6,34	106	-6,29	106	77,53	80	132,31
62	-6,67	62	-6,61	62	77,11	62	131,97
80	-7,06	80	-7,00	80	76,66	79	131,62
118	-8,18	118	-8,10	118	74,78	106	130,21
76	-8,87	76	-8,80	76	74,30	76	125,15
39	-13,21	39	-13,08	39	68,24	77	125,15
61	-15,12	61	-14,98	61	66,14	69	115,80
69	-15,78	69	-15,64	69	65,45	39	114,13
34	-16,11	34	-15,94	34	64,10	34	108,64
Amplitude	33,04		32,72		42,81		74,42

REML: Restricted Maximum Likelihood, MIVQUE(0): Minimum variance quadratic unbiased estimation, LSMEANS: Least square means, PMF: Ponto de mérito de família.

B) Predição das progênes e relações com as plantas selecionadas

As predições de progênes foram realizadas apenas com a utilização do método MIVQUE(0), que resultam de cálculos mais simples do que o REML e são eficientes para o tamanho de amostra deste trabalho, conforme DUARTE et al. (2001). Na Tabela 5 estão as distribuições das 365 plantas selecionadas na fase 1, bem como das plantas que superaram os respectivos PMF, em classes das ordens da predição para TCH e Brix.

Tabela 5. Distribuição das 365 plantas selecionadas na fase1 e das que superaram os respectivos PMFs com frequências (FREQ) e médias nas classes de predições de TCH e de Brix.

Ordem das predições	FREQ TCH #	MÉDIA TCH MIVQUE(0)	Plantas acima PMF TCH	FREQ Brix #	MÉDIA Brix MIVQUE(0)	FREQ Plantas acima PMF Brix
1 a 200	63	4,12	63	10	3,85	10
201 a 400	49	2,67	48	10	3,09	10
401 a 600	36	2,03	36	14	2,64	14
601 a 800	33	1,66	33	22	2,32	3
801 a 1000	24	1,40	1	2	2,18	
1001 a 1200	21	1,19		8	2,01	
1201 a 1400	16	1,00		5	1,78	
1401 a 1600	17	0,83		12	1,61	
1601 a 1800	18	0,70		7	1,48	
1801 a 2000	12	0,58		27	1,37	
2001 a 2200	16	0,46	1	3	1,29	
> 2201	60	-0,58		0	-	
2201 a 2400				11	1,19	
2401 a 2600				4	1,08	
2601 a 2800				14	0,92	
2801 a 3000				10	0,77	
3001 a 3200				17	0,65	
3201 a 3400				13	0,56	
3401 a 3600				21	0,43	

Continua...

Tabela 5. Continuação.

Ordem das predições	FREQ TCH [#]	MÉDIA TCH MIVQUE(0)	Plantas acima PMF TCH	FREQ Brix [#]	MÉDIA Brix MIVQUE(0)	FREQ Plantas acima PMF Brix
3601 a 3800				1	0,40	
3801 a 4000				4	0,31	
4001 a 4200				2	0,22	
4201 a 4400				20	0,02	
4401 a 4600				8	-0,17	
4601 a 4800				7	-0,30	
4801 a 5000				25	-0,40	
5001 a 5200				4	-0,48	
> 5200				84	-2,07	
Total	365		182	365		37

[#] Frequencia obtida entre as 365 progênies selecionadas na fase 1.

A distribuição dos indivíduos selecionados mostra que no caso do TCH a seleção concentrou-se (83,5%) até a posição 2200^a das predições. A classe modal para toneladas de cana/ha foi a do intervalo 1^a a 200^a. No caso do Brix a distribuição foi mais dispersa (77%) até a 5200^a posição. Isso indica como já referido no capítulo 2 que a seleção massal está concordando com a predição do TCH, mas não com o Brix, embora as 37 plantas selecionadas acima do PMF referência para Brix (18,01) tenham apresentado dispersão com total concordância da frequência nas 3 primeiras classes de ordenação. Neste caso o processo de seleção apenas visual (massal) em uso não é suficientemente eficiente na identificação de genótipos potenciais para Brix, o que pressupõe a necessidade de associar métodos e estratégias de seleção que possibilitem identificar os genótipos superiores para esse importante atributo. Ainda para TCH mostra que a distribuição das 182 plantas com valores acima do PMF referência, (169,20 toneladas de cana por hectare), apresenta elevada concordância com o método seleção massal, mostrando inclusive dispersão praticamente semelhante nas primeiras classes de ordenação. A Figura 1 exemplifica a eficiência da seleção massal para o atributo TCH, pois os vinte genótipos responsáveis pelo grupo de maior média de predição genotípica constam entre os 365 genótipos selecionados com base

no fenótipo (Tabela 5). Porém, para o grupo de 20 genótipos representado pela maior média para Brix, 5,05 (Figura 2), não há nenhuma concordância com o grupo dos selecionados (365). Esse fato pode estar restringindo o acesso no BAG de genótipos de elevado valor genotípico para Brix.

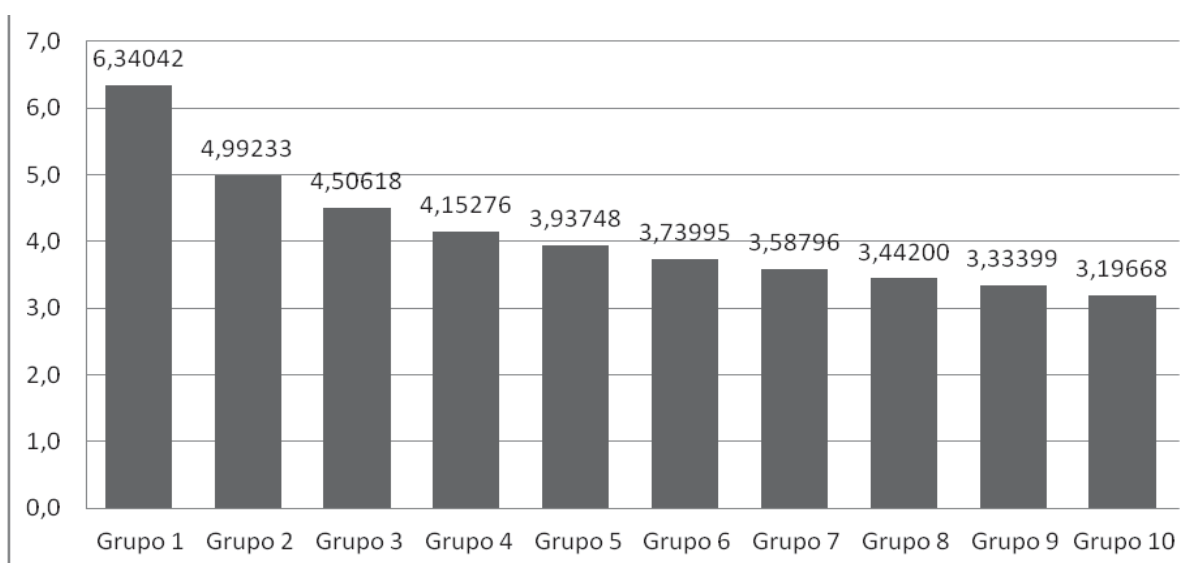


Figura 1. Média dos 10 primeiros grupos dos 200 maiores valores genéticos para TCH

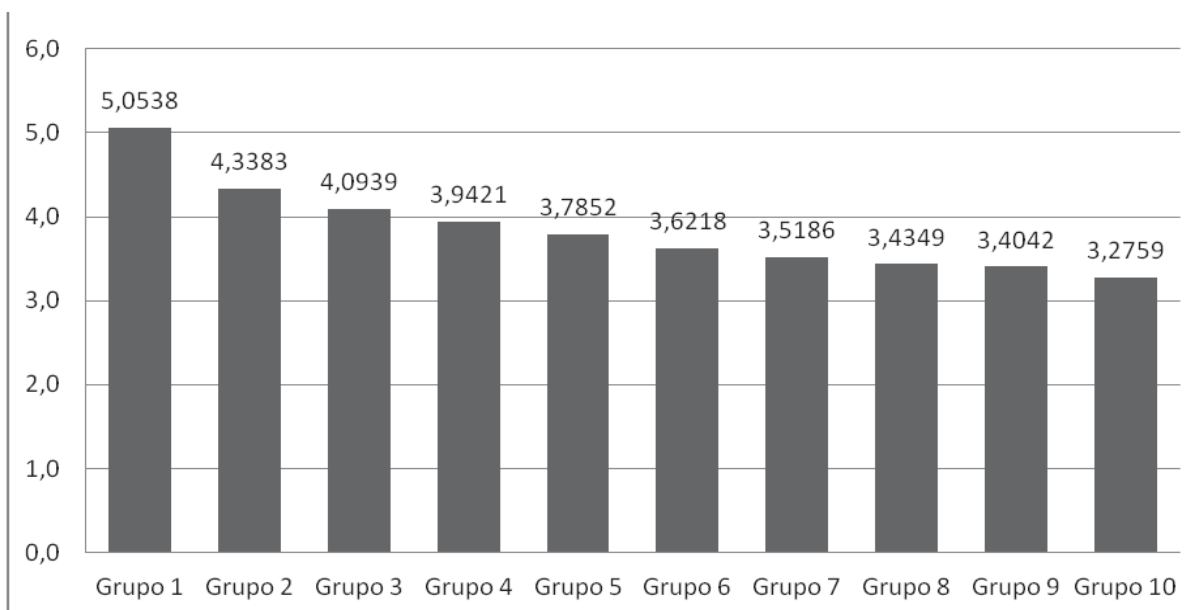


Figura 2. Média dos 10 primeiros grupos dos 200 maiores valores genéticos para Brix

C) Herdabilidades e Correlações entre atributos biométricos (ciclo de cana planta e soca).

Para Brix (Tabela 6), a herdabilidade dentro de famílias variou de 0,6892 a 0,3996, respectivamente para as famílias 112 e 35, o que mostra que há variabilidade a ser explorada para esse atributo. Entre os tipos de cruzamentos (Tabela 1 do capítulo 2) os biparentais apresentaram média de 0,50 e os policruzamento 0,55, mostrando pequena diferença entre os tipos e a maior magnitude de variância foi verificada na família 112 do tipo policruzamento. Para TCH (Tabela 6) as variações foram de 0,93 a 0,80 respectivamente para as famílias 63 e 34, ambas do tipo biparentais. As médias dos valores de herdabilidade entre os dois tipos de cruzamentos foram praticamente iguais, 0,89 e 0,88. MARIOTT et al. (1999) encontraram valores para Brix de 0,46 e para TCH de 0,34, ambos menores que os deste trabalho e mesmo assim concluíram que os valores foram suficientemente altos para defenderem os méritos da seleção individual como uma estratégia simples e suficientemente equilibrada, capaz de contabilizar bem as estratégias de seleção entre e dentro de famílias.

Tabela 6. Estimativa da variância fenotípica (σ_{gw}^2) e da herdabilidade individual no sentido amplo (h_{id}^2) (das 48 famílias) para TCH e Brix – ciclo de cana soca

Famílias	σ_{gw}^2		h_{id}^2	
	TCH	Brix	TCH	Brix
18	4977,70	6,19	0,90	0,42
26	6669,10	6,04	0,93	0,41
27	5340,40	7,85	0,91	0,55
28	5353,70	6,76	0,91	0,47
29	6758,60	7,24	0,93	0,51
33	4965,40	9,62	0,90	0,63
34	2421,40	7,56	0,80	0,53
35	6328,40	5,95	0,92	0,40
38	4021,40	7,09	0,88	0,50

Continua...

Tabela 6. Continuação.

Famílias	σ_{gw}^2		h_{id}^2	
	TCH	Brix	TCH	Brix
39	2524,90	8,46	0,81	0,58
41	5158,50	6,78	0,91	0,47
50	4996,10	6,84	0,90	0,48
51	3641,00	7,75	0,87	0,54
59	4515,00	8,18	0,89	0,56
60	4616,50	8,55	0,89	0,58
61	3395,40	9,26	0,86	0,61
62	3487,00	7,89	0,86	0,55
63	6709,80	8,37	0,93	0,57
65	4431,60	8,33	0,89	0,57
66	3962,70	8,52	0,88	0,58
69	2944,50	9,68	0,84	0,63
70	5181,30	8,04	0,91	0,56
71	4798,70	8,54	0,90	0,58
76	3077,10	10,53	0,84	0,66
77	4041,30	7,51	0,88	0,52
78	5016,90	6,68	0,90	0,47
79	3416,10	8,34	0,86	0,57
80	3559,70	7,36	0,86	0,51
85	3915,80	6,54	0,88	0,45
87	4411,40	6,95	0,89	0,49
90	3929,90	7,04	0,88	0,49
94	3350,10	8,18	0,86	0,56
95	4607,30	9,83	0,89	0,64
98	3731,90	7,50	0,87	0,52
99	6222,60	8,52	0,92	0,58
100	3585,60	6,46	0,86	0,45
101	3488,60	7,65	0,86	0,53
102	6169,30	7,72	0,92	0,54
104	4799,00	7,17	0,90	0,50
106	3214,00	7,62	0,85	0,53
107	4199,90	7,86	0,88	0,55
112	3618,00	11,49	0,87	0,69
117	5925,00	7,80	0,92	0,54

Continua...

Tabela 6. Continuação.

Famílias	σ_{gw}^2		h_{id}^2	
	TCH	Brix	TCH	Brix
118	3792,60	8,77	0,87	0,59
119	4396,10	6,39	0,89	0,44
120	3753,30	8,19	0,87	0,56
121	4070,20	7,47	0,88	0,52
123	6120,70	6,36	0,92	0,44
IACSP955000	485,70	3,57		

Para a herdabilidade média de famílias (Tabela 7) foram utilizadas amostras de 80 progênies por família, que proporcionam CV máximo de 10%, conforme mostrado na Tabela 8.

Para essa hipótese os valores são 0,64 para TCH e 0,86 para Brix (Tabela 7). BRESSIANI (2001) apresenta valores próximos para estudo realizado na região de Jaú, 0,65 e 0,87, respectivamente para TCH e Brix. OLIVEIRA (2007) obteve o valor de 0,88 para Brix. Estas magnitudes dentro e entre famílias para Brix e TCH demonstram a eficiência da utilização da seleção tanto entre quanto dentro das famílias.

As diferenças entre herdabilidades obtidas pelos diferentes autores provavelmente se devem às diferenças genotípicas (similaridades ou dissimilaridades) dos genitores utilizados nos diferentes estudos.

Sabe-se também que herdabilidades obtidas em experimento dentro de um local são no geral maiores que as obtidas em experimentos multilocais, pois incorporam também a interação genótipo x ambiente (BRESSIANI, 2001).

Tabela 7. Estimativa de componentes de variância e da herdabilidade média para os atributos Brix e TCH – ciclo de cana soca.

Parâmetro	Brix	TCH
σ_{gb}^2	0,37	88,19
σ_{dm}^2	4,53	4045,98
σ_e^2	3,57	485,71
h_i^2	0,08	0,02
$h_m^2 *$	0,86	0,64

σ_{gb}^2 : variância genética entre famílias; σ_{dm}^2 : Variância genética + ambiental dentro; σ_e^2 : Variância ambiental só com a cultivar; h_i^2 : Herdabilidade para seleção individual; h_m^2 : Herdabilidade para seleção de média de família; * 80 progênes

Perecin (2008) sugere que os ensaios devam mostrar CV na faixa de 10% para atributos ou características que dependam do campo. No caso desse estudo, os números para CV de 10% em cada família está na Tabela 8. Nota-se que para TCH varia de 38 a 78,41. Portanto o número de 80 progênes dará garantia de um CV máximo de 10%.

Tabela 8. Número de progênes admitindo CV de 10%

Família	Média TCH	Número de progênes CV 10%
27	78,69	78,41
70	80,64	72,22
50	82,48	66,31
61	66,32	66,16
63	100,48	63,47
29	99,76	63,03
123	95,41	61,91
71	83,57	61,75
35	97,47	61,50
78	86,02	61,24
119	80,17	60,85
59	82,36	59,40
107	79,56	58,69

Continua...

Tabela 8. Continuação.

Família	Média TCH	Número de progênes CV 10%
99	99,13	58,38
121	79,15	57,22
101	88,56	57,11
28	92,38	57,05
33	88,73	56,90
26	104,42	56,71
118	76,41	56,65
69	66,11	56,49
66	82,65	56,01
77	79,69	56,00
38	81,43	53,32
104	90,45	52,73
90	80,98	52,52
80	76,87	52,03
51	78,39	51,34
60	90,11	50,87
85	82,18	50,79
65	88,49	50,39
62	77,19	50,37
117	104,28	50,02
102	106,71	49,92
79	77,49	48,80
98	82,57	47,61
76	74,25	47,01
95	94,25	46,40
34	64,64	46,33
94	78,79	46,14
112	83,26	45,19
41	101,74	45,14
106	77,98	44,87
87	95,35	43,18
18	102,18	43,02
39	68,97	42,87
120	87,33	42,84
100	90,32	38,00

A utilização de associações a partir de atributos biométricos de cana-de-açúcar é uma ferramenta para auxiliar na seleção de novas progênies e clones, permitindo através de atributos secundários praticar seleção indireta ou truncada para componentes de produção de importância econômica, TCH e biomassa. As estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas entre atributos biométricos de ciclo de cana planta e de soca estão apresentados nas Tabelas 9 e 10 para as progênies e 11 para a soca de touceira da cultivar padrão, IACSP95-5000. Foram observadas variações na magnitude das estimativas, principalmente em relação aos diferentes ciclos considerados, planta e soca. Para os atributos biométricos, altura, diâmetro e número de colmos, tanto em “*seedlings*” quanto para a cultivar, as maiores estimativas de correlações foram observadas quando utilizadas as informações dos atributos de cana soca. Dos atributos biométricos, o número de colmos foi o que apresentou as maiores estimativas (0,44) quando utilizado no ciclo de cana planta e 0,79 na soca. Esses valores indicam correlação moderada a forte. ASSUNÇÃO (2010), PEDROZO (2006) relatam estimativas fracas variando entre 0,075 a 0,20 no ciclo de cana planta, reforçando a vantagem de utilização de tal atributo a partir da informação de cana soca, o que também vale para diâmetro e altura, porém com valores de estimativas de correlações de menor magnitude.

Tabela 9. Correlações fenotípicas e p- valor entre atributos biométricos de ciclo de cana planta com Brix, TCH e Biomassa em soca de “seedlings”

Atributos Biométricos Cana Planta	Brix Soca	TCH Soca	Biomassa Soca
Altura	0,1274 < 0,0001	0,1491 < 0,0001	0,1833 < 0,0001
Diâmetro	0,0228 < 0,0416	0,1946 < 0,0001	0,1638 < 0,0001
Colmos	0,0890 < 0,0001	0,4402 < 0,0001	0,5243 < 0,0001
Brix	1,0000 -----	-----	-----
TCH	0,0931 < 0,0001	0,4593 < 0,0001	0,5113 < 0,0001
Biomassa	0,1173 < 0,0001	0,5248 < 0,0001	0,6087 < 0,0001

Tabela 10. Correlações fenotípicas e p-valor entre atributos biométricos de ciclo de cana soca com Brix, TCH e Biomassa em soca de “seedlings”

Atributos Biométricos Cana Soca	Brix Soca	TCH Soca	Biomassa Soca
Altura	0,1463 < 0,0001	0,4704 < 0,0001	0,3788 < 0,0001
Diâmetro	-0,0969 < 0,0001	0,5267 < 0,0001	0,2817 < 0,0001
Colmos	0,0359 < 0,0014	0,7957 < 0,0001	0,8544 < 0,0001
Brix	1,0000	0,0260 < 0,0202	0,0497 < 0,0001
TCH	0,0260 0,0202	1,0000	0,8429 < 0,0001
Biomassa	0,0497 < 0,0001	0,8429 < 0,0001	1,0000

Tabela 11. Correlações fenotípicas e p-valor entre atributos biométricos ciclo de cana soca entre touceiras da cultivar IACSP95-5000

Atributos Biométricos Cana Soca	Brix Soca	TCH Soca	Biomassa Soca
Altura	0,2150 0,0354	0,4110 < ,0001	0,4911 < ,0001
Diâmetro	0,0426 0,6803	0,5938 < ,0001	0,1799 0,0794
Colmos	-0,0307 0,7668	0,7430 < ,0001	0,6359 < ,0001
Brix	1,0000 -----	0,0926 0,3695	0,0486 0,6385
TCH1	0,0926 0,3695	1,0000 -----	0,7241 < ,0001
Biomassa	0,0486 0,6385	0,7241 < ,0001	1,0000 -----

As estimativas de correlações aqui apresentadas mostram, portanto, a possibilidade de utilizar, principalmente o atributo número de colmos como uma variável indireta na seleção para TCH e biomassa no ciclo de cana soca, podendo inclusive entrar na composição de futuro índice de seleção. Neste sentido os resultados deste trabalho sugerem pesos diferenciados, variando em ordem decrescente para número de colmos, diâmetro e altura. Quanto aos PMFs para número de colmos, apresentado nas Tabelas 12 e 13 é possível identificar divergência de posicionamento das famílias em ciclo de cana planta e soca. Esse fato provavelmente esteja associado ao menor potencial de brotação em ciclo de cana soca das famílias 59, 60, 66, 94 e 98. As demais, 28, 29, 41, 78 e 99 confirmaram tanto em ciclo de planta quanto em soca estabilidade em relação a esse atributo de seleção, embora com aumento de médias de PMF no ciclo de cana soca. Também se identifica que algumas famílias, 35, 65, 95, 102 e 117 só se destacaram no ciclo de cana soca, o que para efeito de seleção é uma

informação desejável, pois a produtividade média do canavial em cultivo comercial é bastante dependente dos ciclos de cana soca.

Tabela 12. Ordenação das dez famílias de maior valor de PMF para número de colmos e ordenação pela média no ciclo de cana planta.

Família	Ordenação PMF	PMF	Ordenação Média	Média
28	1	18,21	1	11,39
41	2	15,64	3	10,32
98	3	15,50	2	10,67
59	4	15,23	14	9,40
78	5	15,21	6	9,99
99	6	14,93	11	9,45
60	7	14,93	9	9,81
29	8	14,87	12	9,41
66	9	14,81	5	10,05
94	10	14,80	4	10,09

Tabela 13. Ordenação das dez famílias de maior valor de PMF para número de colmos e ordenação pela média no ciclo de cana soca.

Família	Ordenação PMF	PMF	Ordenação Média	Média
41	1	18,62	1	12,29
28	2	18,45	2	11,81
29	3	16,92	3	10,99
35	4	16,84	5	10,57
99	5	16,41	4	10,91
117	6	16,17	7	10,44
78	7	16,14	6	10,51
65	8	15,97	8	10,41
102	9	15,91	13	10,16
95	10	15,69	10	10,32

4. CONCLUSÕES

- Os modelos mistos, REML e MIVQUE(0), mostram predições equivalentes nas avaliações de famílias.
- As predições das famílias mostram variabilidade para TCH e Brix, o que permite seleção.
- Para seleção via atributos indiretos sugere-se priorizar o número de colmos e o ciclo de cana soca.
- A seleção massal individual apresenta concordância com o PMF para TCH, porém há necessidade de associar estratégias para identificação dos indivíduos superiores para Brix.

REFERÊNCIAS

- ASSUNÇÃO, A. **Avaliação de parâmetros genéticos relacionados à seleção de famílias em cana-de-açúcar.** Goiânia: 2010. 175 f. Tese (Doutorado em Agronomia).
- BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar.** Piracicaba: 2001. 159 f. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.
- CANDIDO, L.S. **Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas.**

Jaboticabal: 2009. 76 f. Tese (Doutorado em Agronomia Genética e Melhoramento de Plantas).

CANTARELLA, H. Fertilizantes para a cana-de-açúcar. In: CORTEZ, L.A.B. **Bioetanol de cana-de-açúcar: P&D para produtividade e sustentabilidade**. São Paulo: Blucher, 2010. p.405-421

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento de safra brasileira: **Cana-de-açúcar, segundo levantamento, agosto/2011** – Companhia Nacional de Abastecimento. – Brasília: Conab 2011.

DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R.; DIAS, C.T. S. Estimadores de componentes de variância em delineamentos de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.36, n. 9, p.1155-1167, 2001.

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

LANDELL, M.G.A.L.; 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**. Campinas: IAC, 2008. p.99-156.

MARIOTTI, J.A.; CUENYA, M.I.; SALAS, M.B.G. Análisis de components familiars e intra familiares em progênies de combinaciones biparentales de cana de azucar (*Saccharum spp.*). **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v.76, p.52-57, 1999.

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

- PEDROZO, C.A. **Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar**. Viçosa: 2006. 109 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia).
- PERECIN, D.; Experimentação com cana-de-açúcar. In: DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2008. p.809-820.
- PERECIN, D.; LANDELL, M.G.A.; XAVIER, M.A.; ANJOS, I.A. dos.; BIDÓIA, M.A.P.; SILVA, D.N.da. Progresso agrônômico e genético em programa de melhoramento de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Biometria**, v.27, p.279-287, 2009.
- RESENDE, M.D.V. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo no melhoramento de plantas. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, Londrina. 2005, **CDROM**.
- RESENDE, M.D.V. de. Procedimentos ótimos de seleção co dados balanceados e desbalanceados. In:____.(Ed). **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação tecnológica, 2002. Cap. 7, p.209-347p.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

CAPÍTULO 4 – IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES MASCULINOS EM POLICRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR COM MARCADORES MICROSSATÉLITES

RESUMO - Em cana-de-açúcar, os policruzamentos têm sido utilizados para testar o potencial de genitores femininos ou masculinos devido ao maior número de genitores possíveis de serem avaliados neste tipo de cruzamento. O presente trabalho teve como objetivo integrar a tecnologia de marcadores moleculares ao processo de seleção em cana-de-açúcar. Marcadores microssatélites foram utilizados para identificar os genitores masculinos de progênies obtidas de policruzamentos selecionadas a partir do ponto de mérito de família (PMF) para atributos associados, TCH e Brix. Dez pares de *primers* de microssatélites (SSRs) foram utilizados para a identificação do genitor masculino mais provável considerando os marcadores presentes na progênie e ausentes no respectivo genitor feminino, assim como os valores de similaridade genética obtidos entre as progênies e os genitores masculinos candidatos. Os 10 SSRs produziram uma média de 113,25 alelos por SSRs sendo que a similaridade genética média entre os genitores envolvidos nos cruzamentos realizados foi de 45,9%. Os marcadores utilizados permitiram a identificação do respectivo genitor masculino de 73% das progênies selecionadas com base no PMF e também apontaram prováveis contaminações passíveis de ocorrer durante ou após a fase de hibridação. Os resultados obtidos ressaltam a importância da utilização da tecnologia de marcadores moleculares na identificação e confirmação do genitor masculino de progênies superiores, obtidas via policruzamento nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: progênies, melhoramento de cana-de-açúcar, similaridade genética.

A MALE PARENT IDENTIFICATION POLYCROSSES IN THE SUGARCANE WITH MICROSATELLITE MARKERS

SUMMARY - In sugarcane, polycrosses have being used to test the potential of female or male parents because of the high number of possible parents that can be evaluated in this approach. The present work aimed to integrate the molecular marker technology to the process of sugarcane selection. Microsatellite markers were used to identify the male parent of progenies derived from polycrosses and that were selected based on the family merit point (FMP) for the associated traits TSH and Brix. Ten microsatellite primer pairs (SSRs) were used to the identification of the most probable male parent taking into account markers present in the progeny but absent in the female parent and also the genetic similarity values among the progenies and candidate male parents. The 10 SSRs generated an average of 113.25 alleles/SSRs with an average genetic similarity among the involved parents in the polycrosses of 45.9%. The molecular markers allowed the identification of the respective male parent from 73% of the FMP selected progenies and also pointed probably contaminations likely to occur during or after the hybridization phase. The obtained results highlights the importance of using molecular marker technology in the identification and confirmation of the male parent of superior progenies derived from polycrosses in sugarcane breeding programs.

Keywords: progenies, sugarcane breeding, genetic dissimilarity.

1. INTRODUÇÃO

A estratégia básica do melhoramento de espécies propagadas assexuadamente, a exemplo da cana-de-açúcar, baseia-se no cruzamento entre indivíduos superiores, cultivares em uso comercial ou apenas clones com potencial provado através de suas progênes. Assim sendo, o melhorista para ampliar variabilidade em suas amostras de populações utiliza-se basicamente de dois tipos de cruzamentos: bi parentais e policruzamentos. Em bancos ativos de germoplasma (BAG) não consolidados, há tendência de utilização dos policruzamentos para testar o potencial de genitores, femininos ou masculinos, em função do maior número de genitores envolvidos neste tipo. Neste caso a partir da utilização do PMF, descrito no Capítulo 2, identificam-se os melhores genótipos associados a atributos de interesse fenotípico.

O Programa Cana IAC adota atualmente um modelo programático, matricial, que tem possibilitado a interação entre as diferentes áreas do conhecimento. Fruto desse modelo, o projeto de melhoramento tem estabelecido diversas interações com a biotecnologia, a qual poderá auxiliar no aumento da eficácia dos processos envolvidos na identificação e desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar.

Embora a estratégia de policruzamento proporcionar a avaliação de diferentes combinações, o genitor masculino, a priori, não é conhecido. Entretanto, com a utilização das ferramentas moleculares é possível identificar o genitor masculino com base no perfil molecular gerado pela tecnologia dos marcadores moleculares. De acordo com PAN (2010), marcadores moleculares apresentam diversas aplicações dentro de um Programa de Melhoramento de Cana-de-Açúcar. A informação gerada pode ser utilizada para proteção de uma cultivar através da geração de um perfil molecular característico da mesma, como também na confirmação da natureza híbrida de progênes oriundas de Programas de introgressão genética até a identificação do genitor masculino em policruzamento. O marcador mais utilizado para tais finalidades têm sido os chamados microssatélites.

Os microssatélites ou Simple Sequence Repeats (SSR) representam seqüências formadas por 1 a 6 nucleotídeos (motivo) repetidos em tandem (lado a lado) ao longo do genoma. As seqüências que flanqueiam os SSRs são altamente conservadas permitindo o desenho de pares de primers específicos para a sua amplificação via reação em cadeia da polimerase (JARNE & LAGODA, 1996; SELKOE & TOONEN, 2006). A grande vantagem da utilização deste tipo de marcador tem sido atribuída ao seu alto grau de polimorfismo, alta reprodutibilidade e capacidade discriminatória de marcadores co-dominantes herdados de forma bi-parental, aplicando-se amplamente em análises de paternidade e parentesco (GEOFFREY & ELIZABETH, 2000).

O presente trabalho teve como objetivo identificar através da utilização de marcadores microssatélites os genitores masculinos de progênies oriundas de policruzamentos selecionadas a partir do PMF para atributos associados, TCH e Brix, integrando a tecnologia de marcadores moleculares ao processo de seleção em cana-de-açúcar.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material

Os genitores femininos, masculinos e progênies (Tabela 3) foram obtidos na Estação Experimental Da Empresa Baiana De Desenvolvimento Agropecuário, EBDA no ano de 2007.

2.2 Extração de DNA

O DNA genômico total foi obtido de 300 mg de tecido meristemático (palmito) utilizando o procedimento de extração descrito por AL-JANABI et al. (1999), quantificado na presença de um padrão de DNA do fago λ de quantidades conhecidas em gel de agarose 0.8% (p/v) corado com brometo de etídio.

2.3 Reação de amplificação para os pares de primers de microssatélites

As reações de PCR foram efetuadas em um volume final de reação de 15 μ l (40 ng do DNA molde, 0,2 μ M de cada par de *primer*), 100 μ M de cada dNTP, 2,0 mM $MgCl_2$, 10 mM Tris-HCl, 50 mM KCl, e 0,5 unidades de Taq DNA polimerase). O programa de amplificação constou de uma desnaturação inicial a 94°C por 5 minutos, seguida de 30 ciclos, cada ciclo contendo uma etapa de desnaturação a 94 °C por 30 s, temperatura de anelamento específica (Tabela 1) para cada par de *primer* (*forward/reverse*) por 30 s, extensão à 73 °C por 30 s, e um ciclo final à 73 °C por 3 minutos. Os produtos da amplificação foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante a 6% e corados com prata (CRESTE et al., 2001). Dez pares de primers de microssatélites, previamente selecionados com base em informações publicadas na literatura (Tabela 1) foram utilizados na identificação dos genitores masculinos dos clones selecionados.

Tabela 1. Relação dos primers de microssatélites (SSRs) utilizados na identificação dos genitores masculinos.

SSR	Fonte	SSR	Fonte
SMC1047HA	Pan (2006)	SCC01	Pinto et al. (2004)
SMC2017FL	Pan (2006)	SCB82	Oliveira et al. (2009)
SMC31CUQ	Pan (2006)	SCB312	Oliveira et al. (2009)
CV38	Maccheroni et al. (2007)	SCB381	Oliveira et al. (2009)
SCA48	Oliveira et al (2009)	SCB436	Oliveira et al. (2009)

2.4 Análise dos dados

A genotipagem da mãe (genitor feminino), filhos (progênie selecionadas) e país (genitores masculinos) envolvidos no respectivo policruzamento foi feita com base na presença (1) e ausência (0) de marcas (alelos). Para a identificação do genitor masculino mais provável foi considerado os marcadores presentes na progênie e ausentes no respectivo genitor feminino (BUTLER et al., 1997). Os dados referentes à presença e ausência de marcas também foi utilizado para a construção de uma matriz de similaridade genética adotando-se o coeficiente de Jaccard, pelo Programa NTSYS (ROHLF, 1993).

3. RESULTADOS

3.1 Polimorfismo obtido com os SSRs

Os 10 pares de *primers* de microssatélites (SSRs) utilizados para a identificação do genitor masculino mais provável produziram, nas quatro lanternas avaliadas, uma média de 113,25 alelos por SSRs com o número de alelos variando de 102 (lanterna 4) a 120 (lanterna 2). A similaridade genética mínima entre os genitores utilizados em cada lanterna variou de 29,4% (lanterna 1) entre as cultivares IACSP98-3056 e IACSP98-5046 a 34,3 (lanterna 04) entre as cultivares IACSP99-3015 e IACSP95-5094 enquanto a máxima variou de 66,7% (lanterna 2) entre as cultivares IACSP96-2008 e IACSP96-3200 a 73,7% (lanterna 3) entre as cultivares RB855453 e IACSP97-6628 (Tabela 2). No geral, a similaridade genética média entre os genitores envolvidos nos cruzamentos realizados foi de 45,9%.

Tabela 2. Número de marcadores, similaridade genética mínima, máxima e média entre genitores

Lant	NA	SGmin (%)	SGmax (%)	SGm
1	119	29,4 IACSP983056 vs IACSP985046	69,8 SP80-3280 vs IACSP942111	44,0
2	120	31,5 CT973060 vs IACSP993009	66,7 IACSP962008 vs IACSP963200	45,6
3	112	33,8 RB925211 vs IACSP96-3161	73,7 RB855453 vs IACSP976628	47,1
4	102	34,3 IACSP993015 vs IACSP955094	67,2 SP79-1011 vs IACSP993032	46,9
Total	453			
Média	113,25			45,9

3.2 Identificação das progênes com marcadores SSRs

Os genitores masculinos identificados para cada progênie selecionada, nas 4 lanternas avaliadas, estão apresentados na Tabela 3 e as relações de similaridade genética entre todos os genitores e progênes de cada lanterna estão apresentados na forma de dendrograma nas Figuras 1 e 2.

Tabela 3. Relação das progênes com seus respectivos genitores femininos e provável genitor masculino e demais genitores presentes nas 4 lanternas avaliadas.

Progênes	Genitores identificados		Genitores presentes	
	Genitor (♀)	Provável Pai	(♀)	(♂)
Lanterna 1				
30	IACSP97-6680 (61,19)	SP81-1763 (66,7)	IACSP97-6680	IACSP95-3028
31	IACSP97-6680 (55)	IACSP97-2084 (56,9)	IACSP96-2037	IACSP94-2111
32	IACSP97-6680 (48,5)	SP81-1763 (68,3)	IACSP98-6202	IACSP97-6682
24	IACSP98-2053 (62,1)	NI	IACSP95-2216	IACSP97-2084
25	IACSP98-2053 (56,3)	SP81-1763 (68,3)	IACSP98-3022	IACSP98-3067
28	IACSP98-2053 (54,1)	IACSP97-2084 (69,8)	IACSP97-6680	IAC91-3111
			IACSP98-5046	SP80-3280
			IACSP98-3056	SP83-2847
			IACSP98-3099	
			SP80-1842	
			SP81-1763	
			IACSP98-2053	
Lanterna 2				
20	IACSP98-3028 (66,1)	NI	IACSP98-3028	SP84-7017

Continua...

Tabela 3. Continuação

Progênes	Genitores identificados		Genitores presentes	
	Genitor (♀)	Provável Pai	(♀)	(♂)
39	IACSP98-3028 (60,9)	IACSP94-2111 (58,2)	IACSP96-3200	IACSP95-3028
27	IACSP98-6209 (65,4)	SP84-7017 (51,7)	IACSP97-7077	IACSP94-2111
			IACSP96-1107	IACSP94-2094
			IACSP99-3009	IACSP97-3313
			IACSP99-3332	IACSP97-6671
			IACSP99-3390	IACSP99-3012
			CT97-3060	CTC1
			SP89-1115	IACSP96-2036
			IACSP96-3055	
			IACSP96-2008	
			IACSP98-6209	
			RB92-5345	
Lanterna 3				
12	NI	NI	NI	IACSP94-2094
13	NI	NI	IACSP94-1104	IACSP95-5011
58	NI	NI	IACSP95-3264	IACSP97-3354
41	NI	NI	IACSP98-3108	SP80-3280
47	IACSP94-1104 (73.3)	RB855453 (55.7)	IACSP96-3161	SP83-2847
14	IACSP96-3161 (62.1)	IACSP97-6628(54)	IACSP96-2067	SP84-7017
42	IACSP96-3161 (62.50)	IACSP97-6619(71.4)	IACSP96-3076	SP80-185
21	IACSP96-2067 (66.1)	IACSP97-3354(63.5)	IACSP97-3311	RB925211
22	IACSP96-2067 (59.4)	IACSP94-2094(70.2)	IACSP97-6619	RB855453
48	IACSP96-2067 (64.5)	NI	IACSP97-6628	SP79-1011
33	IACSP97-3311 (65.5)	IACSP96-3076(54.2)	IACSP98-3051	
38	IACSP97-6619 (58.7)	NI	IACSP97-7077	
15	IACSP98-3051 (64.1)	RB855453(60.7)	IACSP98-3068	
16	IACSP98-3051 (68.5)	IACSP97-3354(57.6)	IACSP98-3067	
51	IACSP98-3051 (65.1)	SP80-185 (46.6)		
23	IACSP98-3068 (57.6)	NI		
46	IACSP98-3068 (43.1)	IACSP97-3311(70.7)		
66	IACSP98-3068 (47.1)	IACSP97-6628(60)		
67	IACSP98-3068 (48.5)	IACSP97-6628(59)		
29	IACSP98-3067 (65.5)	SP79-1011 (41.8)		
Lanterna 4				
37	IACSP97-2237 (59.3)	IACSP95-5094 (69.5)	IACSP96-2019	IACSP95-2288
49	IACSP97-2237 (77.1)	IACSP95-3264 (69.2)	IACSP97-2237	SP80-185
40	IACSP99-3015 (55.9)	IACSP95-5094 (53.7)	IACSP95-5037	SP87-365
68	IACSP99-3015 (54.1)	NI	IACSP95-5094	IAC91-3111
4	IACSP99-3032 (66.1)	IAC91-3111(56.7)	IACSP98-3050	IACSP95-3264
69	IACSP99-3032 (62.1)	IACSP95-3264 (64.2)	IACSP99-3011	IACSP95-5094
17	IACSP99-3049 (36.2)	NI	IACSP99-3015	IACSP97-6682
18	IACSP99-3049 (68.3)	IACSP95-5037 (57.1)	IACSP99-3032	SP91-3011
19	IACSP99-3049 (71.2)	SP79-1011(58.1)	IACSP99-3049	SP79-1011
34	IACSP99-3049 (71.7)	IACSP99-3011 (51.6)	IACSP99-3090	RB925111
35	IACSP99-3049 (55.6)	IACSP95-5037(60)	IACSP99-3357	
36	IACSP99-3049 (58.2)	IACSP95-5037(57.6)	SP91-1049	

Genitor feminino (♀), genitor masculino (♂), NI: genitor masculino não identificado. Entre parênteses coeficiente de similaridade entre genitor e progênie dado em porcentagem.

Com base na análise dos marcadores ausentes no genitor feminino e presentes apenas na progênie de interesse e também nos valores de similaridade genética entre

os genitores masculinos mais prováveis, para os casos de empate, foi possível identificar o genitor masculino mais provável em 73% das progênes avaliadas.

Lanterna 1:

As progênes 30, 31, 32, 25 e 28 apresentaram, respectivamente, como genitor masculino mais provável, as cultivares SP81-1763, IACSP97-2084, SP81-1763, SP81-1763 e IACSP97-2084. Tais genitores masculinos apresentaram todos os marcadores que estavam presentes na progênie identificada, porém ausentes no respectivo genitor feminino indicando, portanto, de qual genitor masculino o marcador foi herdado. Para a progênie 24, pela análise de exclusão de marcadores presentes no genitor feminino houve dúvidas quanto a identificação do genitor masculino, visto que, nenhum dos genitores presentes na lanterna 1 apresentaram todos os marcadores presentes na progênie 24 e ausentes no seu respectivo genitor feminino IACSP98-2053. O maior valor de similaridade genética observado entre a progênie 24 e todos os demais materiais presentes na lanterna 1 correspondeu ao seu genitor feminino IACSP98-2053 (62,1%), o que corrobora para que esta progênie seja realmente filha da IACSP98-2053 (Tabela 3, Figura 1).

Lanterna 2:

Para as progênes desta lanterna foi possível identificar como provável pai das progênes 27 e 39, respectivamente, os genitores IACSP98-6209 e IACSP98-3028 (Tabela 3). Nenhum dos genitores presentes na lanterna 2 apresentou todos os marcadores presentes na progênie 20 e ausentes, no seu respectivo genitor feminino (IACSP98-3028). As progênes 20 e 39 são meios-irmãos por parte do genitor feminino IACSP98-3028 e apresentaram similaridade genética de 45,6% entre si (Tabela 3). Conforme visualizado no dendrograma apresentado na Figura 1 as progênes 20 e 39 se apresentaram próximas ao seu genitor feminino IACSP98-3028.

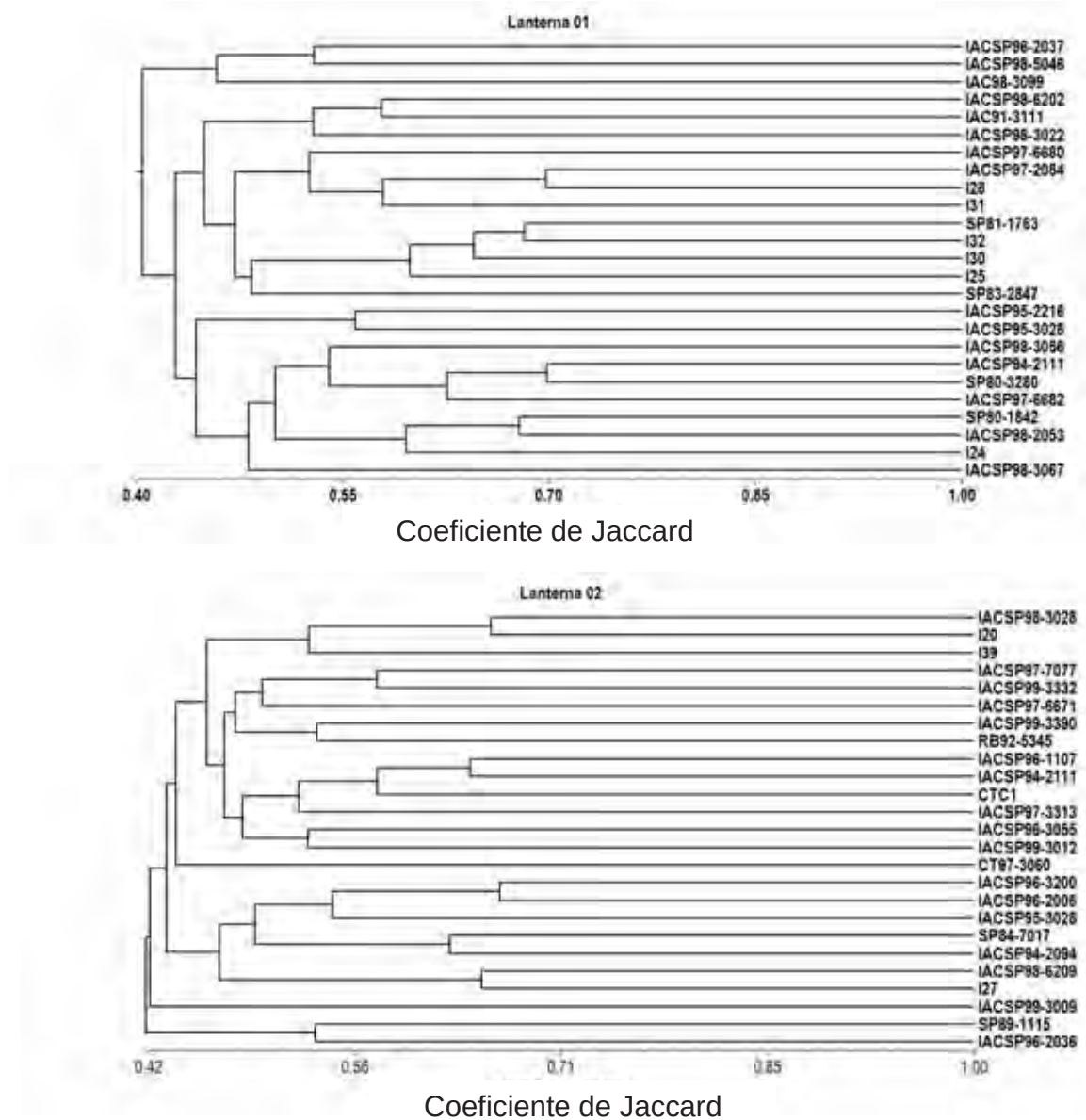


Figura 1. Dendrograma obtido com base na matriz de similaridade genética utilizando o coeficiente de Jaccard para os genitores e progênes provenientes das lanternas 1 e 2.

Lanterna 3:

As progênies 15, 21, 22, 29, 33, 46 e 51, apresentaram como genitores masculinos respectivamente os cultivares RB855453, IACSP97-3354, IACSP94-2094, SP79-1011, IACSP96-3076, IACSP97-3311 e SP80-185. Verifica-se que as progênies acima mencionadas encontraram-se próximas de seus respectivos genitores femininos, no dendrograma da Figura 2. Para a identificação das progênies 47, 14, 16, 42, 66 e 67 devido ao empate entre genitores com o mesmo número de marcadores ausentes no genitor feminino e presentes apenas na progênie em investigação foi utilizado como critério de desempate o maior valor de similaridade genética entre a progênie e o genitor mais provável. Desta forma, para a progênie 47 foi considerado como o pai mais provável o genitor RB855453, o qual apresentou o maior valor de similaridade genética (56%) com a progênie 47. Da mesma forma, para a progênie 14 foi considerado como pai mais provável o genitor IACSP97-6628, o qual apresentou o maior valor de similaridade genética com a progênie 14 (54%). Para as progênies 16, 42, 66 e 67, os genitores masculinos assumidos como os mais prováveis foram, IACSP97-3354, IACSP97-6619 e IACSP97-6628, respectivamente.

Para as progênies 12, 13, 58, 41, 48, 38 e 23 não foi possível identificar o genitor masculino.

Lanterna 4:

O genitor IACSP95-5094 foi identificado como o provável pai das progênies 37 e 40, enquanto o genitor IACSP95-5037 das progênies 18, 35 e 36. Para as progênies 4, 69, 19 e 34 foram identificados como os prováveis pais os genitores IAC91-3111, IACSP95-3264, SP79-1011 e IACSP99-3011, respectivamente (Tabela 3). Para a progênie 49, pela análise de exclusão foram identificados os genitores IACSP99-3090 e IACSP95-3264 como prováveis pais, visto que, os marcadores presentes na progênie 49 e ausentes no genitor feminino, foram encontrados em ambos os genitores (IACSP99-3090 e IACSP95-3264). Neste caso, assumiu como genitor masculino,

aquele com maior valor de similaridade genética com a progênie 49, ou seja, o genitor IACSP95-3264 (0,692), Figura 2. Os genitores masculinos das progênies 17 e 68 não puderam ser identificados.

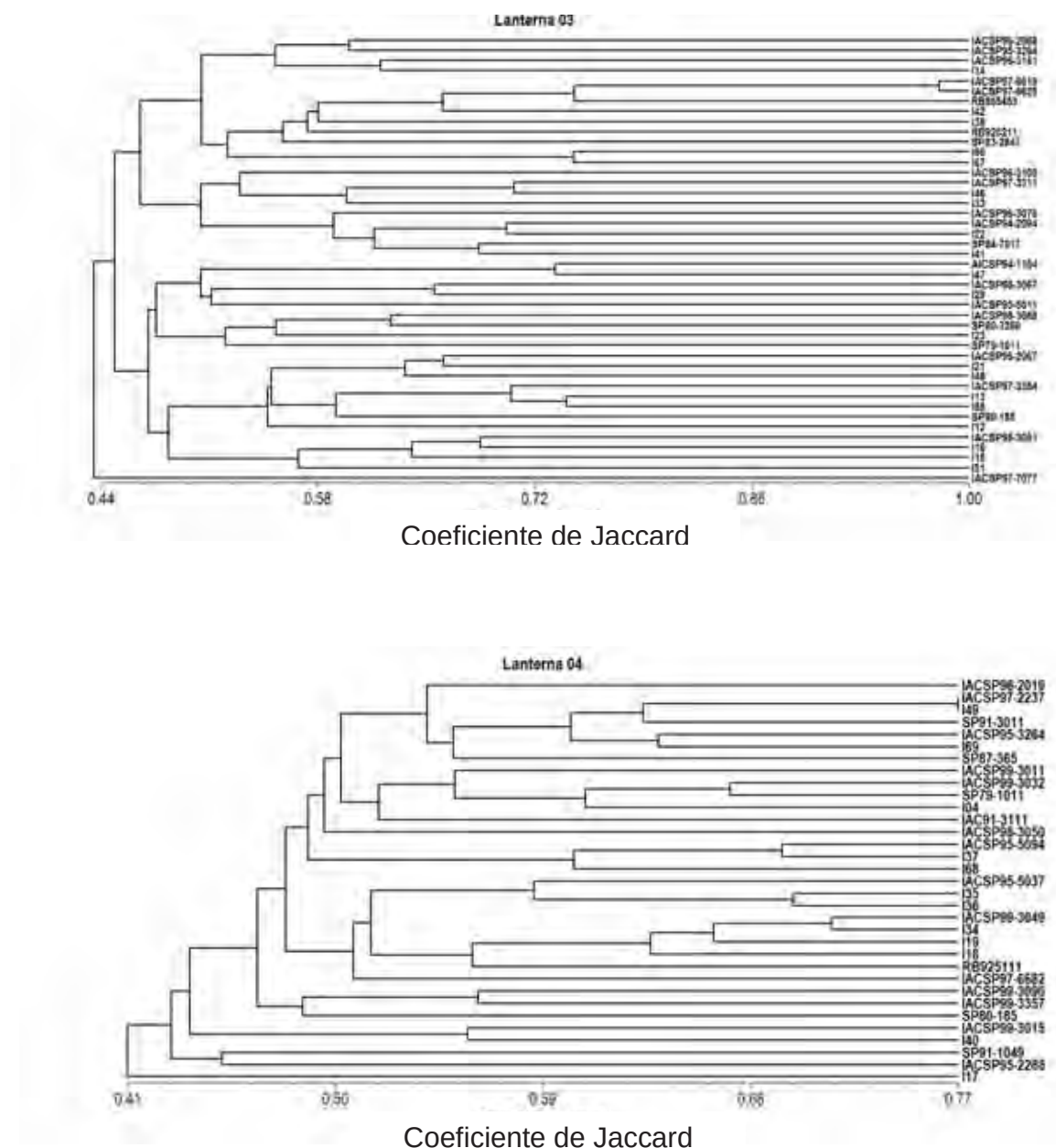


Figura 2. Dendrograma obtido com base na matriz de similaridade genética utilizando o coeficiente de Jaccard para os genitores e progênies provenientes das lanternas 3 e 4.

4. DISCUSSÃO

Uma das grandes limitações do policruzamento tem sido atribuída à perda de informação de genealogia das progênie obtidas, em geral, assumidas como de meios-irmãos, na qual, apenas o genitor feminino é de fato conhecido. Entretanto, a utilização de marcadores moleculares pode contribuir na identificação do genitor masculino, auxiliando na reconstituição da genealogia da progênie de interesse.

No trabalho aqui apresentado, a estratégia utilizada na identificação do genitor masculino, a qual considera apenas os marcadores presentes na progênie e ausentes no genitor materno (BUTLER et al., 1997) se mostrou eficiente para a identificação do genitor masculino em cana-de-açúcar, organismo de alta complexidade genética e nível de ploidia.

De fato, 73% das progênie tiveram o respectivo genitor masculino identificado por meio de marcadores moleculares, gerados a partir de 10 pares de primers microssatélites. Além disso, as progênie identificadas foram provenientes de lanternas envolvendo um número considerável de genitores feminino e masculino, variando de 19 para a lanterna 1 a 23 para a lanterna 3, com similaridade genética média entre os genitores masculinos (doadores de pólen) variando de 46,2% (lanterna 1) a 58% (lanterna 3). TEW & PAN (2010) também utilizaram marcadores microssatélites para identificar o genitor masculino de progênie provenientes de policruzamento envolvendo um número bem menor de genitores (7 genitores em apenas uma lanterna) sendo possível a identificação do genitor masculino de 79 a 99% das progênie avaliadas.

As progênie aqui identificadas foram selecionadas com base no ponto de mérito de família de forma que constituem clones de alta concentração de alelos favoráveis. Desta forma, a identificação do genitor masculino mais provável tem contribuição significativa para o programa de melhoramento, pois pode sinalizar potenciais combinações favoráveis a serem melhor exploradas na forma de cruzamentos biparentais. Neste sentido, o emprego da tecnologia dos marcadores moleculares, na identificação do genitor masculino pode ser dirigida apenas para os clones de interesse,

reduzindo os custos das análises moleculares e aumentando o seu impacto no programa de melhoramento.

A identificação ou comprovação do genitor masculino de clones elites descarta também a possibilidade de ocorrência de autofecundação. MCINTERY & JACKSON (2001) identificaram progênes de cana-de-açúcar provenientes de autofecundação, as quais variaram de 0 a 17%, em 8 cruzamentos bi-parentais avaliados com marcadores do tipo RAPD. TEW & PAN (2010) também identificaram progênes de autofecundação em policruzamentos avaliados com marcadores microssatélites.

É interessante ressaltar que das progênes aqui avaliadas, nenhuma foi originada de autofecundação, o que, provavelmente pode ser atribuído ao fato, conforme mencionado anteriormente, das mesmas terem sido selecionadas para atributos como produtividade (TCH), o qual é muito afetado pela depressão por endogamia (SILVA & GONÇALVES, 2011). Segundo MCINTERY & JACKSON (2001), nos programas de melhoramento, a tendência é a avaliação e seleção dos clones mais vigorosos com a finalidade de gerar cultivares com maior produtividade, sendo que o vigor reduzido tem sido utilizado como o critério principal para a identificação e descarte das progênes de autofecundação.

Anualmente, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar realizam durante as campanhas de hibridação, centenas de cruzamentos dando origem a milhares de sementes ou plântulas a serem avaliadas nas etapas de seleção. Durante todo este processo, que envolve desde o preparo das flechas para a realização do cruzamento, passando pelo beneficiamento das sementes, até o plantio das progênes no campo, é provável que ocorra troca de identidade de material, mistura ou contaminação de pólen ou semente. Segundo PAN (2010), a probabilidade de erro na identificação é muito maior em clones ou variedades utilizadas como genitores, os quais são propagados por diversas vezes ao longo dos anos.

Alguns clones que não puderam ter seus respectivos genitores masculinos identificados, provavelmente, podem ter sido originados de pólen externo à lanterna, transportado por abelhas, comumente observadas, em cruzamentos de cana-de-açúcar. Entretanto, no caso das progênes 12, 13, 41 e 58, todas provenientes do mesmo

genitor feminino, não foi possível identificar o genitor masculino para nenhum deles, não se descartando a hipótese, de que o genitor feminino tenha sido identificado erroneamente, na montagem da lanterna. Isto porque, os palmitos utilizados para as análises moleculares não foram coletados dos genitores femininos diretamente nas lanternas, na ocasião do cruzamento, mas posteriormente, da coleção mantida na área da estação experimental em Ribeirão Preto, SP. Estas observações ressaltam ainda mais a importância da utilização da tecnologia de marcadores moleculares aplicada tanto na validação da identidade dos genitores envolvidos no policruzamento durante a fase de hibridação como na identificação do genitor masculino das progênes de interesse para os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar.

5. CONCLUSÃO

- Os marcadores moleculares utilizados neste trabalho podem contribuir para identificação genitores masculinos de interesse do programa de melhoramento.

REFERÊNCIAS

- AL-JANABI, S. M.L. FORGET, and A. DOOKUN, 1999: An Improved and Rapid Protocol for the Isolation of Polysaccharide- and Polyphenol-Free Sugarcane DNA. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.17, p.1–8.
- BUTELER, M.J.;LABONTE, D.R. and MACCHIAVELLI, R.E. (1997). Determining paternity in polyploids: exaploid simulation studies. **Euphytica**, v.96, p.353–361.

- CRESTE, S.; TULMANN, A.N.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, p.299-306, 2001.
- GEOFFREY, K.C.; ELIZABETH, S.M. Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B* 126 (2000) 455–476.
- JARNE, P.; LAGODA, P.J.L. Microsatellites, from molecules to populations and back. **TREE**, v.11, p.424-429, 1996.
- MACCHERONI, W., JORDÃO, H., DEGASPARI, R., MATSUOKA, S. Development of a dependable microsatellite-based fingerprinting system for sugarcane. **Proceedings. INTERNATIONAL SOCIETY SUGAR CANE TECHNOLOGISTICS**, v.26, 2007.
- MCINTYRE, C.L., JACKSON, P.A. Low level of selfing found in a sample of crosses in Australian sugarcane breeding programs. **Euphytica** v.117, p.245–249, 2001.
- OLIVEIRA, K.M.; PINTO, L.R.; MARCONI, T.G.; MOLLINARI, M., ULIAN, E.C.; CHABREGAS, S.M.; FALCO, M.C. BURNQUIST, W.; GARCIA, A.A.F; SOUZA, A.P. Characterisation of new polymorphic functional markers for sugarcane. **Genome**, v.52: p.191–209, 2009
- PAN, Y. B. Highly polymorphic microsatellite DNA markers for sugarcane germplasm evaluation and variety Identity testing. **Sugar Technology**, v.8, p.246-256, 2006.
- PAN, Y.B. Databasing molecular identities of sugarcane (*Saccharum* spp.) clones constructed with microsatellite (SSR) DNA markers. **American Journal of Plant Sciences**, v.1, p.87-94, 2010.

- PINTO, L. R.; OLIVEIRA, K. M.; ULIAN, E. C.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, A. P. de. Survey in the sugarcane expressed sequence tag database (SUCEST) for simple sequence repeats. **Genome**, v. 47, p.795-804, 2004.
- ROHLF, F. J. NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 1.80. **Applied Biostatistics**: Setauket, USA, 1993.
- SELKOE, K.A.; TOONEN, R.J. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and 9999evaluating microsatellite markers. **Ecology Letters**, v.9, p. 615–629, 2006.
- SILVA, M. A.; GONÇALVES, P. S. Inbreeding in sugarcane varieties. **Ciência Rural**, v.41, p.580-586, 2011.
- TEW, T. L.; PAN, Y. Microsatellite (Simple Sequence Repeat) Marker–based Paternity Analysis of a Seven-Parent Sugarcane Polycross. **Crop Science**, v.50, p.1401-1408, 2010.