

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

HUGO ZENI NETO

Predição de valores genéticos de famílias e estrutura populacional de genitores em cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) usando marcadores microssatélites

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
DEZEMBRO – 2011

HUGO ZENI NETO

Predição de valores genéticos de famílias e estrutura populacional de genitores em cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) usando marcadores microssatélites

Tese apresentada à Universidade Estadual de Maringá como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para obtenção do Título de Doutor.

Orientador: Prof. Dr. Pedro Soares Vidigal Filho.

**MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
DEZEMBRO – 2011**

Aos meus pais Luiz Alberto Zeni e Cássia Maria Ribeiro Zeni, e ao meu irmão Flávio Luiz Zeni, por todo o amor e carinho, suporte e paciência sacrificados para que eu pudesse chegar onde estou.

À Caroline Andrea Pöttker, pelos anos de cumplicidade juntos construídos, repletos de conquistas e dedicação.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, pois sem Ele jamais poderia estar aqui e alcançar tudo o que possuo hoje.

À Universidade Estadual de Maringá (UEM) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), por terem acreditado em mim e terem-me propiciada a realização do curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação da Universidade Federal do Paraná (FUNPAR), pelo suporte financeiro dado a toda pesquisa presente nessa obra.

Ao professor Doutor Pedro Soares Vidigal Filho, por em momento algum ter medido esforços no árduo trabalho de orientação, e sempre ter coordenado essa pesquisa com grande sabedoria e respeito pelo aluno.

Ao professor Doutor Edelclaiton Daros pela oportunidade de crescer pessoal e profissionalmente desde os primórdios da graduação.

Ao professor Doutor João Carlos Bespalhok Filho por ter-me mostrado o caminho pelo qual deveria trilhar até o presente momento.

À professora Doutora Maria Celeste Gonçalves Vidigal, por ter-me transmitido boa parte dos seus grandes conhecimentos em todos os momentos em que a ela recorri.

Ao professor Doutor Carlos Alberto Scapim, pela grande amizade, pelos conselhos e pelas horas dedicadas a auxiliar-me na lapidação dessa obra.

Ao professor Doutor Ricardo Augusto de Oliveira, ao Doutor Heroldo Weber e ao Mestre Pedro Henrique de Medeiros Buso, pesquisadores da PMGCA/UFPR/RIDESA, pelo valioso tempo devotado à cultura da cana-de-açúcar e pelos momentos saudáveis de descontração e amizade.

A todos os funcionários presentes na unidade da RIDESA/UFPR em Paranavaí – PR, pelo auxílio imensurável prestado na obtenção dos dados de toda a pesquisa realizada pela RIDESA no Estado do Paraná.

A todos os amigos do PGA e do PGM: professor Allan Lobato, pós-doutoranda Anelise Cruz, doutorandas Ana Clara, Eliane Rodrigues, Aline Bronzato, Lorenna Sousa, doutorandos Raphael Augusto, Leonel Moiana e a todos aqueles cujos nomes deixei de citar, a quem peço que se sintam incluídos aqui pelos momentos compartilhados, seja na sala de aula seja no laboratório.

Meu sincero, MUITO OBRIGADO!

BIOGRAFIA

Hugo Zeni Neto, filho de Luiz Alberto Zeni e Cássia Maria Ribeiro Zeni, e irmão de Flávio Luiz Zeni nasceu ao primeiro dia do mês de setembro de 1982, em Curitiba – PR.

Cursou o Ensino Básico, o Fundamental e parte do Ensino Médio no Colégio Bom Jesus, terminando os estudos no Colégio Expoente, ambos situados na capital paranaense.

Por ter raízes no meio rurícola e sempre ter preferido à vida interiorana, principalmente na cidade de Toledo, PR, no ano de 2000 começou o curso de Agronomia na Universidade Federal do Paraná (UFPR), também em Curitiba, onde foi estagiário e aluno de Iniciação Científica do professor Doutor João Carlos Bepalhok Filho. Nesse período sempre desenvolveu atividades relacionadas ao melhoramento genético da cana-de-açúcar.

Foi estagiário do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA) da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA) da UFPR de 2004 a 2006.

No ano de 2006 passou a ser orientado do professor Doutor Edelclaiton Daros no curso de Mestrado pelo Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da UFPR, onde defendeu a dissertação intitulada “*Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones RB (República do Brasil) precoces de cana-de-açúcar no estado do Paraná*”, no dia 12 de dezembro de 2007.

Em março de 2008, ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento (PGM) da Universidade Estadual de Maringá (UEM), nível doutorado, sob a tutela do orientador professor Doutor Pedro Soares Vidigal Filho.

RESUMO

ZENI NETO, Hugo. *D.Sc.* Universidade Estadual de Maringá, Dezembro, 2011. **Predição de valores genéticos de famílias e estrutura populacional de genitores em cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) usando marcadores microssatélites.** Professor orientador: Pedro Soares Vidigal Filho. Professores conselheiros: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bernaldo Filho.

O sucesso de um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) reside na escolha dos genitores mais ricos e geneticamente divergentes. Um dos problemas encontrados nesses programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, é que nas fases iniciais de seleção tende-se a avaliar características de baixa herdabilidade, por isso vem-se preferindo a adoção do procedimento de seleção de famílias ao invés da seleção massal. O presente trabalho teve como objetivo selecionar as melhores famílias de cana-de-açúcar que compõem a série RB05 da RIDESA adotando-se a metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP) em duas safras sob análise conjunta, além de estimar a divergência genética e estrutura populacional dos genitores que compuseram a referida série, mediante o emprego de marcadores microssatélites (SSR). O experimento constituiu-se em um delineamento de blocos Incompletos com 78 famílias que compõem a série RB05 em fase T1 do PMGCA/UFPR/RIDESA, cinco repetições por família e considerando-se conjuntamente os dados oriundos dos anos agrícolas 2008/2009 e 2009/2010. Foram avaliadas as características BRIX, tonelada de colmo por hectare (TCH) e tonelada de BRIX por hectare (TBH). As três melhores famílias para BRIX foram as F41M60, F02M77 e F41M82, para TCH foram as F66M30, F35M06 e F78M45, e para TBH foram as F66M30, F35M06 e F78M45. A análise conjunta demonstrou-se uma ferramenta primordial para o uso dos melhoristas na aplicação da seleção de famílias, pois pode haver ordenação diferenciada das melhores famílias ao longo das safras. Na avaliação molecular da divergência genética e estrutura populacional dos 82 acessos de cana-de-açúcar, os quais são os genitores das famílias da série RB05, mediante o emprego de 36 *primers* microssatélites (SSR) demonstraram, sob o uso do coeficiente de similaridade de Jaccard e do método de agrupamento UPGMA, um agrupamento dividido em 17 grupos distintos.

Os *primers* evidenciaram 319 alelos, variando de 2 a 19 *loci* com uma média por primer de 8,86. Os valores de PIC variaram de 0,1527 até 0,9264 com uma média de 0,5705. O respectivo coeficiente de similaridade utilizado demonstrou que o grau de semelhança variou de 0,4716 (RB965586 x RB971551) a 0,9526 (RB936001 x SP89-1115) com média de 0,8536 evidenciando uma elevada similaridade entre os 82 indivíduos analisados. Os resultados indicam que os SSRs podem ser utilizados para construção de grupos divergentes de cana-de-açúcar a serem utilizados futuramente nos próximos cruzamentos entre cultivares pouco similares entre si a fim de gerar indivíduos com um alto grau heterótico.

Palavras-chave: parâmetros genéticos; modelos mistos; SSR.

ABSTRACT

ZENI NETO, Hugo. *D.Sc.* Universidade Estadual de Maringá, December 2011. **Prediction of breeding values of families and population structure of parents on sugarcane (*Saccharum spp.*) using microsatellite markers.** Professor adviser: Pedro Soares Vidigal Filho. Committee members: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bessalho Filho.

The success of a program of genetic improvement of sugarcane (*Saccharum spp.*) resides in the ambition of parents choosing the richest and most genetically divergent. One of the problems encountered in these programs of genetic improvement of sugarcane, is that in the early stages of selection, tend to be evaluated traits with low heritability, so it comes to preferring the adoption of the procedure for selection of families instead of mass selection. The present work aimed to select the best families of sugarcane that make up the RB05 Series of RIDESA adopting the methodology of mixed models (REML/BLUP) in two crops, as well as in joint analysis, estimate the genetic divergence and population structure that made up this series by the use of microsatellite markers (SSR). The experiment consisted in an incomplete block design with 78 families making up the series RB05, phase T1 of PMGCA/UFPR/RIDESA, five replicates per family and are considered together the data from the agricultural years 2008/2009 and 2009/2010. The characteristics evaluated were BRIX, tons of sugarcane per hectare (TCH) and ton of Brix per hectare (TBH). The top three families were for BRIX F41M60, F02M77 and F41M82 to TCH were F66M30, F35M06 and F78M45, and to TBH were F66M30, F35M06 and F78M45. The joint analysis proved to be a primary tool for use by breeders in the application of the families' selection, because there may be different ordering of the best families throughout the seasons. In the evaluation of molecular genetic diversity and population structure of 82 accessions of sugarcane, which are the parents of families RB05 Series, through the use of 36 primers microsatellites (SSR) demonstrated, under the use of the similarity coefficient Jaccard and UPGMA method, a cluster divided into 17 distinct groups. The primers showed 319 alleles, ranging from 2 to 19 loci with an average of 8.86 per primer. The PIC values ranged from 0.1527 to 0.9264 with an average of 0.5705. The corresponding similarity coefficient used demonstrated that the degree of similarity ranged from 0.4716

(RB965586 x RB971551) to 0.9526 (RB936001 x SP89-1115) with an average of 0.8536 showing a high similarity among the 82 individuals analyzed. The results indicate that SSRs can be used for construction of divergent groups of sugarcane to be used in future crosses between cultivars in the next little bit similar to each other to generate individuals with a high heterotic degree.

Key words: genetics parameters; mixed models; SSR.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	5
2.1. Origem e dispersão	5
2.2. Características botânicas da cana-de-açúcar.....	8
2.3. Fisiologia da cana-de-açúcar.....	12
2.4. Características genéticas da cana-de-açúcar.....	14
2.5. Caracterização da região canavieira paranaense.....	16
2.6. Melhoramento genético de plantas perenes.....	17
2.7. Histórico do melhoramento de cana-de-açúcar no Brasil e no mundo	18
2.8. Histórico da RIDESA.....	22
2.9. Melhoramento genético da cana-de-açúcar.....	22
2.10. Seleção individual de cana-de-açúcar	26
2.11. Seleção de famílias em cana-de-açúcar.....	27
2.12. Estimativas de máxima verossimilhança restrita (REML)	29
2.13. Melhor preditor linear não viciado (BLUP)	31
2.14 Modelos mistos (REML/BLUP)	33
2.15. Diversidade genética em cana-de-açúcar.....	34
2.16. Marcadores moleculares.....	37
2.17. Marcadores moleculares microssatélites (SSR)	39
2.18. Microssatélites (SSR) em cana-de-açúcar.....	41
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
4. CAPÍTULOS	77
4.1. Capítulo I: SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (<i>Saccharum spp.</i>) VIA REML/BLUP	77
RESUMO.....	77
ABSTRACT.....	78
4.1.1. INTRODUÇÃO	79
4.1.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	81
4.1.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	88
4.1.4. CONCLUSÕES	96

4.1.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	97
4.2. Capítulo II: SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E DE GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR (<i>Saccharum</i> spp.) POR MEIO DE MODELOS MISTOS EM ANÁLISE CONJUNTA DE DUAS SAFRAS.....	101
RESUMO.....	101
ABSTRACT.....	102
4.2.1. INTRODUÇÃO	103
4.2.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	106
4.2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	115
4.2.4. CONCLUSÕES	130
4.2.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	131
4.3. Capítulo III: DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE ACESSOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (<i>Saccharum</i> spp.) POR MEIO DE MICROSSATÉLITES SSR.....	135
RESUMO.....	135
ABSTRACT.....	136
4.3.1. INTRODUÇÃO	137
4.3.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	139
4.3.2.1. Extração e quantificação do DNA genômico	140
4.3.2.2. Iniciadores (<i>primers</i>) SSR utilizados	141
4.3.2.3. Estimação da diversidade genética e estrutura populacional.....	143
4.3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	146
4.3.4. CONCLUSÕES	157
4.3.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	158
5. CONCLUSÕES GERAIS.....	165
APÊNDICE A. Taxa pluviométrica (mm), temperaturas máxima, média e mínima (°C) do período janeiro de 2006 (jan/06) a dezembro de 2009 (dez/09) em Paranavaí, PR. Maringá, 2011.....	160

LISTA DE QUADROS

Capítulo I: SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) VIA REML/BLUP

Quadro 1. Número de cruzamentos biparentais, relação dos genitores femininos e masculinos e códigos usados para identificação dos cruzamentos utilizados no experimento de estudo de famílias compostas por irmãos germanos em cana-de-açúcar da Série RB05. Paranavaí, Paraná, 2011.....	81
Quadro 2. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa total da touceira (MTT), massa média de 1 perfilho na touceira (M1CT), altura (ALT) e número médio de colmos por metro quadrado (NCM) das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da Série RB05. Paranavaí, PR, 2011.....	88
Quadro 3. Resultados da análise de ANADEV (DEVIANCE) para as características MTT, M1CT, ALT e NCM para as 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05. Paranavaí, PR, 2011	90
Quadro 4. Classificação (Class), valores genotípicos (Vgc) e média geral das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05, para as características massa total da touceira (MTT), massa média de 1 colmo na touceira (M1CT), altura (ALT) e número médio de colmos por metro quadrado (NCM). Paranavaí, PR, 2011.....	92
Quadro 5. Ranking baseado no índice clássico para as 4 características estudadas (MTT, M1CT, ALT e NCM) para as 78 famílias de cana-de-açúcar da Série RB05. Paranavaí, PR, 2011	94

Capítulo II: SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E DE GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) POR MEIO DE MODELOS MISTOS EM ANÁLISE CONJUNTA DE DUAS SAFRAS

Quadro 1. Número de cruzamentos biparentais, relação dos genitores femininos e masculinos, códigos usados para identificação dos cruzamentos utilizados no experimento de estudo de famílias compostas por irmãos germanos em cana-de-açúcar da Série RB05, Paranavaí. Paraná. 2011.....	106
Quadro 2. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características: °Brix, Tonelada de colmo por hectare (TCH) e Tonelada de Brix por hectare (TBH) oriundas de duas safras (cana soca e ressoca) das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da Série RB05. Paranavaí, PR, 2011.....	115
Quadro 3. Resultados da análise de ANADEV (DEVIANCE) para as características BRIX, TCH e TBH oriundas de duas safras (cana soca e ressoca) para as 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05. Paranavaí, PR, 2011.....	117
Quadro 4. Classificação (Clas.) das melhores famílias (Fam.) baseadas nos valores genotípicos (Vg) oriundas de duas safras (cana soca e ressoca), das 78 famílias de	

irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05 para BRIX, TCH e TBH. Paranavaí, PR. 2011	119
Quadro 5. Classificação (Clas.) das melhores famílias (Fam.) com base no efeito genotípico relativo (Gr) oriundo de duas safras (canas soca e ressoça) das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar e, número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (nk) via método BLUPIS, para as BRIX, TCH e TBH. Paranavaí, PR. 2011	123
Quadro 6. <i>Ranking</i> baseado no índice clássico, oriundo de duas safras (cana soca e ressoça), para as três características estudadas (BRIX, TCH e TBH) das 78 famílias de cana-de-açúcar da Série RB05. Paranavaí, PR. 2011	125
Quadro 7. Classificação (Clas), baseada em valores de aditividade (<i>a</i>), e ganho genético (G%), oriunda de duas safras (canas soca e ressoça), para todos os genitores usados para originar a série RB05 por meio de cruzamentos biparentais, Série RB05, para BRIX, TCH e TBH. Paranavaí, PR. 2011	126
Quadro 8. <i>Ranking</i> baseado no índice clássico, oriundo de duas safras (cana soca e ressoça), para as três características estudadas (BRIX, TCH e TBH) para os 82 genitores de cana-de-açúcar que compuseram a Série RB05. Paranavaí, PR. 2011.....	129

Capítulo III: DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE ACESSOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* spp.) POR MEIO DE MICROSSATÉLITES SSR

Quadro 1. Lista das cultivares e seus países de origem que foram usadas para análise da divergência genética e estrutura populacional. Maringá, 2011	139
Quadro 2. Lista dos 36 <i>primers</i> SSR utilizados nas reações de amplificação de fragmentos de DNA. Maringá, 2011	141
Quadro 3. Índices estimados de diversidade genética por <i>locus</i> avaliados em 82 cultivares de cana-de-açúcar. Maringá, 2011.....	147
Quadro 4. Grupos, acessos dentro desses grupos, quantidade de acessos presentes em cada grupo bem como a porcentagem que contribui cada indivíduo que compõem os genitores da série RB05. Maringá, 2011.....	153
Quadro 5. Análise molecular de variância – AMOVA, considerando os 17 grupos sob análise realizada entre 82 genitores de cana-de-açúcar. Maringá, 2011	154
Quadro 6. <i>Ranking</i> dos 10 cruzamentos mais recomendáveis (Convergentes) aos melhoristas e os 10 não recomendáveis (Divergentes) por meio da utilização do coeficiente de Jaccard oriundo de 36 <i>primers</i> microssatélites. Maringá, 2011	155

LISTA DE FIGURAS

Capítulo III: DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE ACESSOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* spp.) POR MEIO DE MICROSSATÉLITES SSR

- Figura 1. Número de grupos sugeridos pelo *Structure Harvester* por método probabilístico.....148
- Figura 2. Exemplos das bandas dos primers ESTB41 (A), UGSM96 (B), ESTB145 (C) e ESTC119 (D). Primeiro e último poços, ladder de 100bp e 50bp respectivamente. A flecha no ladder de 100bp indica 100bp e a do ladder de 50bp indica 350bp. Números de 1 a 52 indicam os respectivos indivíduos do Quadro 1.....149
- Figura 3. Dendrograma contendo os 82 cultivares de cana-de-açúcar. Maringá, 2011.....151
- Figura 4. Cladograma indicando todos os 82 genitores de cana-de-açúcar da Série RB05 dentro dos seus respectivos grupos. Maringá, 2011.....152
- Figura 5. Genealogia das cultivares RB966920 (A), RB855156 (B), RB855322 (C), RB855127 (D), RB915124 (E) e RB896342 (F). (?): Policruzamento... ..154

1. INTRODUÇÃO GERAL

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma cultura de grande importância para o Brasil e para o restante do mundo (Bonnnett et al., 2004; Manners et al., 2004). Somente essa cultura movimentou, em 2010, o montante de R\$56 bilhões (com a produção de colmos, açúcar, etanol e bioeletricidade), o que, isoladamente, representa cerca de 2% do PIB do país. Em alguns estados brasileiros, como é o caso de Pernambuco, essa representação pode chegar a aproximadamente 10% das riquezas produzidas (IBGE, 2011).

Com a expansão industrial ocorrendo no mundo começaram a surgir pesquisas sobre a poluição deixada na atmosfera, e com isso, diversos países reuniram-se e criaram protocolos a fim de, juntos, tentarem amenizar esses impactos. Para implementar as decisões foram criados em junho de 1992 a ECO-92, em fevereiro de 2005, o Protocolo de Kyoto e o ainda discutido, Protocolo de Copenhague, de dezembro de 2009. Com isso se abriram oportunidades sem precedentes para o etanol, pois o produto é considerado uma fonte de energia renovável e menos poluente do que os combustíveis derivados do petróleo (EPA, 2011).

O Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar do mundo, seguido pela Índia, China e Tailândia (FAO, 2009). Nessa busca pelo uso do etanol o Governo Brasileiro viu uma grande oportunidade econômica para o país, pois o etanol brasileiro oriundo da cana-de-açúcar, considerando-se a cadeia produtiva desse combustível como um todo, é menos poluente do que o etanol norte-americano, que é derivado do milho (*Zea mays*). Além disso, o custo por litro do produto brasileiro é mais competitivo do que do norte-americano, qual seja, US\$0,25, contra US\$0,50 respectivamente (IEA, 2011).

Na atualidade o Paraná situa-se entre os maiores produtores de cana-de-açúcar do país, ocupando a quarta posição, com 619 mil ha plantados, respondendo por aproximadamente 43,32 milhões de toneladas de colmos colhidos, 3,02 milhões de toneladas de açúcar produzidos e 1,62 bilhões de litros de etanol fabricados (ALCOPAR, 2011). Os números do Brasil, em seus quase nove milhões de hectares cultivados, são, respectivamente para colmos colhidos, açúcar produzido e etanol

total fabricado, 571.471,0 milhões de toneladas, 283,9 milhões de toneladas e 22.857,6 bilhões de litros (CONAB, 2011).

Esses números apresentados pela CONAB (2011) representam um grande desafio aos melhoristas. Isso se deve ao fato de ser muito complicado aumentar os índices de produtividade, visto que está cada vez mais difícil aumentar as áreas de plantio, ora por ser necessário adentrar em ecossistemas extremamente complexos em sua biodiversidade e amplamente protegidos por leis conservacionistas, ora pelo fato de a cana-de-açúcar ocupar espaços de culturas e atividades rurais já implementadas naquela área, como soja (*Glycine max*), milho ou pecuária por exemplo.

Esse é o grande desafio para os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil, no qual se insere o Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA), que também faz parte a Universidade Federal do Paraná (UFPR) junto com outras nove Instituições Federais de Ensino Superior (IFES) integrantes da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA).

Os trabalhos desenvolvidos pela RIDESA têm favorecido a participação significativa com suas cultivares possuintes da sigla RB (República do Brasil), as quais são plantadas em todos os estados brasileiros produtores de cana-de-açúcar (Daros e Zambon, 1998). A RIDESA é possuidora da maior participação (58%) de plantio de clones e das cultivares de canas-de-açúcar no território nacional, sendo que em alguns estados essa participação é superior a 70% (RIDESA, 2010).

Entre as alternativas existentes para se obter incremento na produtividade de cana-de-açúcar está à substituição de cultivares por outras geneticamente melhoradas. Os resultados dos estudos sobre essas substituições demonstram que a escolha por novas cultivares vem sendo adotada no país há muito tempo (Braga Júnior e Sordi, 1996).

Está demonstrado também que esta é uma alternativa altamente viável (Zambon, 2000) e que a busca por novas cultivares não visa somente obter cultivares mais produtivas, mas também cultivares mais resistentes a pragas e

doenças, mais tolerantes a estresses bióticos e abióticos, mais ricas em sacarose e mais precoces (Daros e Zambon, 1998).

No processo de obtenção de novas cultivares de cana-de-açúcar, os clones são selecionados em diversas fases do PMGCA/UFPR/RIDESA. A primeira dessas fases, denominada fase T1, possui milhões de genótipos a serem avaliados, tendo como características primordiais a inexistência de repetições dos genótipos testados; além disso, as características avaliadas nesses clones nessa fase tendem a possuir baixa herdabilidade (inclui-se aqui a produtividade), e com isso, fica prejudicado o sucesso da seleção caso o método escolhido seja o massal (Barbosa et al., 2005). Por isso os programas de melhoramento da cana-de-açúcar vêm adotando a seleção de famílias, a qual permite uma melhor acurácia quando comparada a uma seleção em nível individual das touceiras de cana-de-açúcar (Barbosa e Silveira, 2010).

Em geral os experimentos que objetivam a seleção de famílias tendem a ser muito desbalanceados, em decorrência da diferença encontrada no número de plantas oriundas de um determinado cruzamento, como também da quantidade de vezes em que um genitor pode ser preferido em relação a outro (Kimbeng e Cox, 2003). Para contornar esse problema a metodologia denominada de REML/BLUP (máximo verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) é amplamente recomendada (Stringer et al., 1996), principalmente no caso de plantas perenes (Resende, 2004), - no caso, a cana-de-açúcar. Conforme Oliveira et al. (2008) o REML/BLUP fornece estimadores importantes para direcionar a seleção entre e dentro das famílias além de indicar clones com valores genéticos aditivos de alta magnitude.

Na atualidade outra ferramenta amplamente usada no melhoramento genético é o uso de marcadores moleculares (Kalia et al., 2011). A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) é de grande importância para qualquer programa de melhoramento genético, pois contribui em inúmeras situações, das quais as mais importantes estão a construção de mapas genéticos e mapeamentos de características (quali ou quantitativas) de interesse (Pinto, 2009), e a análise da diversidade genética entre indivíduos ou populações (Federizzi, 1998; Benchimol et al., 2000; Collard et al., 2005; Collard e Mackill, 2007).

Nesse âmbito dos marcadores moleculares o uso de marcadores microssatélites (ou SSR) é destacado por ser um marcador específico, codominante, de alta reprodutibilidade, por requer pequena quantidade de DNA, ter grandes índices de polimorfismo e ser de custo relativamente baixo (Collard et al., 2005; Caixeta et al., 2009; Kalia et al., 2011).

O PMGCA/UFPR/RIDESA tem estudado o futuro emprego dos SSR para o estudo da divergência genética entre seus genitores presentes nos seus bancos de germoplasma, estudo que ajudaria a elucidar a variabilidade genética e com a qual se obteriam informações sobre os diferentes parentais, o que facilitaria no planejamento de todo o processo de escolha dos genitores que originariam os clones para as futuras fases do programa de melhoramento genético.

Nesse sentido, logo após essa escolha, nas gerações subsequentes seriam feitas análises estatísticas para revelar aos melhoristas quais são as melhores famílias de cana-de-açúcar a serem escolhidas para as próximas fases do PMGCA/UFPR/RIDESA.

O presente trabalho objetivou: i) selecionar, via REML/BLUP, famílias de cana-de-açúcar oriundas de cruzamentos biparentais em safras individuais e conjuntamente, em nível de indivíduos e com vários indivíduos, e ii) através de SSR, estimar a divergência genética entre os genitores dessas famílias.

Como objetivos específicos este trabalho busca i) estimar parâmetros e predições de valores genotípicos das 78 famílias de irmãos germanos que compõem a Série RB05, ii) estimar os componentes de variância dessas famílias através da REML, iii) identificar o tipo de ação gênica predominante nas características comumente adotadas para seleção de clones na fase T1, iv) predizer os valores genotípicos das famílias e os valores genéticos aditivos dos genitores da respectiva Série por meio do BLUP, v) estimar a capacidade de combinação dos cruzamentos, vi) correlacionar a divergência obtida com o uso da metodologia REML/BLUP com a divergência gerada com os SSR para fins de recomendação desses genitores para futuros cruzamentos da RIDESA e vii) identificar as famílias com elevados potenciais produtivos de colmos e de açúcar.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem e dispersão

Mesmo havendo muita divergência sobre o verdadeiro sítio de origem da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), existem citações muito antigas sobre ela, entre as quais se destacam as da Bíblia Sagrada, que em Isaías 43:24 e Jeremias 6:20 já mencionam essa planta (Cesnik e Miocque, 2004).

A história mais aceita é que a cana-de-açúcar seja nativa das ilhas do arquipélago da Polinésia, sendo a *S. robustum* originada na Nova Guiné. No período neolítico (8.000 a.C.) as espécies mais suculentas teriam sido levadas do Leste de Nova Guiné para as Ilhas Salomão, Fiji e Taiti. Posteriormente (6.000 a.C.) foram em direção oeste até parar na Indonésia, Malásia e Índia, e a seguir (600 a 1.000 d.C.) ao noroeste até atingir as Filipinas e a China, chegando até o Havaí (Brandes, 1956; James, 2004; Cesnik e Miocque, 2004).

Ainda não há consenso sobre o centro de origem e dispersão de algumas espécies pertencentes ao gênero *Saccharum*, como é o caso das *S. barberi* e *S. sinense*, a respeito do quê, a opinião mais se aceita hoje é que provavelmente se tenham originado na China e no Norte da Índia respectivamente (Daniels e Roach, 1987), pois eram amplamente cultivadas naquelas regiões e arredores, ficando a *S. barberi* mais restrita no Norte da Índia. Há relatos que a *S. sinense* foi cultivada no Brasil (meados de 1860); Ilhas Maurício (meados de 1870) e nos EUA e em Porto Rico em 1915. Existem também alguns relatos sobre a tolerância ao vírus do mosaico da cana-de-açúcar em exemplares da referida espécie (Jordão Júnior, 2009). Alguns trabalhos com citogenética da *S. barberi* e *S. sinense* sugerem que essas sejam hibridações naturais de *S. officinarum* com *S. spontaneum* (D'Hont, et al., 2002), exemplares comumente tidas como hibridação de *S. officinarum* ou *S. robustum* com outro gênero, mais provavelmente com o *Miscanthus* (Rao, 1989).

Ao contrário de outros integrantes do gênero *Saccharum*, há poucos trabalhos que avaliam a diversidade genética e identificam a origem da *S. edule*. A opinião mais aceita atualmente é que essa espécie tem seu centro de origem na

região da Nova Guiné e Ilhas Fiji, onde a sua inflorescência é considerada como uma olerícola comestível pelos nativos da região da Melanésia (D'Hont et al., 2008).

A *S. spontaneum* está dividida em duas subespécies: a *S. indicum* e a *S. aegyptiacum* (Panje, 1933; James, 2004). É uma espécie altamente polimórfica, e a variabilidade entre as plantas dessa espécie é tão grande que somente na Índia, um dos principais centros de diversidade da mesma, já são conhecidos mais de 300 tipos (Jordão Júnior, 2009), além das outras formas coletadas em mais de 30 países (Egito, Israel, Japão, Nepal, Itália e Rússia) como alguns exemplos citados por Rao, (1989). Existe também a hipótese do envolvimento dos gêneros *Sclerostachya* e *Erianthus* na sua origem, mas essa espécie é provavelmente resultado das hibridizações entre as próprias espécies do gênero *Saccharum* (Roach e Daniels, 1987).

Considera-se que o gênero *Miscanthus*, em algum ponto de seu cultivo, hibridizou-se com outras espécies chegando assim a fazer parte das atuais cultivares de cana-de-açúcar. Ele possui seu centro de diversidade e origem em países do Sudoeste Asiático tais como a China, o Japão e algumas ilhas da Polinésia. Outras espécies surgiram no continente africano, e dadas as frequentes hibridações interespecíficas desse gênero, há também relatos de diversidade no continente europeu (Jordão Júnior, 2009).

Outro gênero envolvido na formação genética das atuais cultivares de cana-de-açúcar é o *Erianthus* (Cesnik e Miocque, 2004). Pensa-se que seu centro de origem é a região entre a China, a Birmânia e a Indonésia, podendo também ter sido dispersada para outros países, como a Índia e a Nova Guiné. Como sua taxonomia é extremamente complexa e divergente, desde os anos 50 as espécies do gênero *Erianthus* vêm sendo comumente classificadas como sendo pertencentes ao gênero *Saccharum* (Dutt e Rao, 1950).

As conquistas árabes no Ocidente no Século VIII ajudaram a disseminar a cana-de-açúcar por todo o território conquistado, principalmente naquelas regiões próximas das margens do Mar Mediterrâneo. Com as expedições dos portugueses e espanhóis ao Oriente, fazendo a histórica rota denominada “Caminho das Índias”,

Cristóvão Colombo, em 1493, na sua segunda expedição por essa rota teria trazido feixes de cana-de-açúcar para dentro de suas Caravelas (Mc Martin, 1971).

Ainda no Século XV os navegadores portugueses e espanhóis implementaram a cultura nas ilhas de Cabo Verde, Canárias, Madeira, São Tomé, também em parte da África Ocidental, em Santo Domingo e na região das Antilhas (William, 1984). Esses locais eram considerados pontos estratégicos onde os navegadores, ao desembarcarem, reabasteciam-se de água e outros suprimentos, tanto é que se considera hoje a região de Santo Domingo como o centro irradiador dos plantios de cana-de-açúcar de Cuba, do México e do Peru (Cesnik e Miocque, 2004).

Dentre as pertencentes ao gênero *Saccharum*, a *S. officinarum* era a espécie mais cultivada no mundo até o início do Século XX (Junqueira e Dantas, 1964). Ela foi sendo cultivada e selecionada pelos produtores apenas de acordo com sua produtividade, começando assim há aparecer os chamados “ciclos” ou “eras” dessas cultivares superiores selecionadas (Jordão Júnior, 2009). Dentre estas, a primeira cultivar a se tornar conhecida e amplamente plantada em nível mundial foi a “Crioula”, e logo após, o “ciclo da Otaheite” (Eisenberg, 1977).

Algumas “eras” eram denominadas de acordo com a região em que a planta era cultivada, como, por exemplo, a “era da Bourbon” e a “era da Lahaina” (Jordão Júnior, 2009). Aqui no Brasil teve início o “ciclo da Manteiga”, alusivo a uma cultivar que tinha grande quantidade de cera presente no colmo e altamente rica em sacarose. Por volta de 1790 e 1803, o então governador do Pará, Francisco de Souza Coutinho, enviou uma coleção de cultivares nobres de cana-de-açúcar para a Guiana Francesa, e dentre estas cultivares, uma recebeu o nome de Caiana (de Caiena, nome da Capital da Guiana Francesa). Por seu alto vigor e rusticidade, logo a Caiana substituiu a cana “Crioula” e continuou a ser a cultivar predominante utilizada no Brasil durante a maior parte do Século XIX (Junqueira e Dantas, 1964; Eisenberg, 1977), dando início, assim, ao “ciclo da Caiana”, a qual contribuiu grandemente naquela época para a expansão da indústria açucareira brasileira (Cesnik e Miocque, 2004).

Com a colonização portuguesa do Brasil as primeiras mudas de cana-de-açúcar introduzidas datam do ano de 1502 (Corrêa e Penna, 1984); mas, oficialmente, originária da Ilha da Madeira, ela foi introduzida por Martim Afonso de Souza (Grande, 1933; Castro e Kluge, 2001). O primeiro engenho do Brasil data de 1520, e foi instalado em Pernambuco por um almirante português, começando assim o Ciclo do Açúcar no Brasil (Figueiredo, 2008). Isso é confirmado pela constatação nos Registros da Alfândega de Lisboa da entrada de açúcar brasileiro nos anos de 1520 e 1526 (Lippmann, 1942; Cesnik e Miocque, 2004).

Há relatos (Junqueira e Dantas, 1964; Andrade e Andrade, 1969; Fernandes e Irvine, 1987) de que o primeiro engenho de açúcar no Brasil foi construído em São Vicente, SP, seguido pela construção de outros nas Capitanias de Pernambuco e de São Tomé, onde alguns destes permaneceram em atividade por mais de um século. Relata-se também, que, por volta de 1550, Pernambuco tornou-se o maior produtor mundial de açúcar e, em 1570, dos cerca de 60 engenhos existentes na costa brasileira, 41 estavam entre os estados de Pernambuco e da Bahia, marcando-se assim o início de larga produção açucareira no Brasil (Junqueira e Dantas, 1964).

A colonização nacional pela cana-de-açúcar começou na Bahia, em 1538, avançou até Alagoas em 1575 e chegou à Paraíba em 1579. Em 1615 a cultura da cana-de-açúcar chegou a solos do planalto paulista na região de Itu, região que se destacou no Século XVII como o maior centro produtor açucareiro nacional (Pinto, 1965). Já em 1622 foi a vez do Maranhão introduzir o cultivo cana-de-açúcar em seu território; e, em 1730 chegou ao Mato Grosso, e finalmente, em 1878 a cana-de-açúcar chegou ao estado do Acre (Cesnik e Miocque, 2004).

2.2. Características botânicas da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar classifica-se botanicamente como uma planta pertencente ao Reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe das *Liliopsida* (antiga *Monocotyledoneae*), ordem *Cyperales* (antiga *Glumiflorae*), família das *Poaceae* (antiga *Gramineae*), tribo *Andropogoneae*, subtribo *Saccharininae*, gênero *Saccharum*, compreendendo as principais espécies *S. officinarum*, *S. barberi*, *S. robustum*, *S. spontaneum*, *S. sinense* e a *S. edule* (Cronquist, 1981).

A cana-de-açúcar cultivada no mundo e no Brasil é na verdade um híbrido clonal interespecífico, e em geral as espécies citadas acima são da 6ª a 10ª geração (Daniels e Roach, 1987; Matsuoka et al., 2005). Geralmente se procura aliar a rusticidade de espécies como *S. spontaneum* às boas qualidades das cultivares nobres de *S. officinarum* (Pedrozo et al., 2008), e por esse motivo os híbridos plantados para fins comerciais praticamente são oriundos apenas do melhoramento genético, logo, a taxonomia atual dos cultivares de cana-de-açúcar é dada como *Saccharum* spp. (Matsuoka et al., 2005).

Comumente as plantas *S. spontaneum*, que apresentam alta adaptabilidade aos mais adversos ambientes, morfologicamente podem se desenvolver em pequenas touceiras em forma de tufo (semelhantes a algumas espécies do gênero *Brachiaria*), com colmos de até 2,5 m de altura e diâmetros variando de 0,5 a 1,3 cm (Panje e Srinivasan, 1957; Babu, 1990).

Os colmos de *S. spontaneum* são muito ricos em fibras e, inversamente, pobres em sacarose. As folhas dessa planta sistematicamente podem possuir limbos somente com a nervura central, chegando esses limbos a até 4 cm de largura. Em geral essas plantas apresentam grande perfilhamento e formam rizomas vigorosos, além de um sistema radicular que se desenvolve de forma bastante agressiva. Elas apresentam também, resistência ao vírus do mosaico da cana-de-açúcar (Naidu e Sreenivasan, 1987).

Das atuais *Saccharum* spp. a *S. spontaneum* foi uma das espécies que mais contribuíram para o melhoramento genético, devido a suas características desejáveis, como boa capacidade de rebrota da soqueira, resistência a doenças e pragas e boa tolerância a estresse hídrico e salínico (Naidu e Sreenivasan, 1987). Como são plantas ricas em fibras, os programas de melhoramento genético as consideram como ótimas fontes de variabilidade genética para a formação de potenciais cultivares para produção de biomassa (Roach, 1977).

Outra espécie que morfologicamente possui ótimo vigor, tendo touceiras extremamente densas, com colmos que podem chegar aos 10 m de altura, e diâmetros de 2 a 4,5 cm é a *S. robustum* (Naidu e Sreenivasan, 1987). Mesmo apresentando características importantes para os programas de melhoramento

genético, como teor de fibra tão alto quanto o da *S. spontaneum* e excelente vigor, a *S. robustum* é evitada pelos melhoristas de cana-de-açúcar por possuir baixo teor de sacarose e apresentar susceptibilidade ao vírus do mosaico da cana-de-açúcar (Roach e Daniels, 1987).

No mundo, nas primeiras décadas do século XX, a *S. officinarum* deixou de ser cultivada de forma extensiva por ser gravemente susceptível a muitas doenças (Jordão Júnior, 2009), entre elas o carvão da cana-de-açúcar (*Sporisorium scitamineum*) anteriormente denominado por *Ustilago scitaminea*.

Na década de 1920, no Brasil só se plantava a *S. officinarum*, popularmente chamada de cana caiana, cana manteiga, cana riscada, cana roxa, cana cristalina e cana preta (Jordão Júnior, 2009). Como apresentam excelentes características - como alto teor de sacarose, colmos com baixo teor de fibra e boa pureza no caldo - os programas de melhoramento genético deram preferência ao cruzamento da *S. officinarum* com *S. spontaneum* exatamente por combinar as características mais desejáveis de ambas as espécies (Scarpari e Beauclair, 2008). Essa preferência pelo cruzamento *S. officinarum* x *S. spontaneum* serviu de base aos programas de melhoramento genético na formação das atuais *Saccharum* spp, tendo a base genética, composta por seus cromossomos, das atuais cultivares na ordem de 80% e 10% respectivamente (D'Hont et al., 1995), enquanto os outros 10% seriam de recombinações entre os dois genomas (D'Hont, 2005).

A atual *S. officinarum* apresenta folhas largas com limbos de 5 a 7 cm de largura com poucos perfilhos (Naidu e Sreenivasan, 1987), é exigente quanto ao clima e solo, muito susceptível a doenças como o vírus do mosaico, e possui um sistema radicular reduzido e superficial (Cesnik e Miocque, 2004).

As espécies *S. sinense* e *S. barberi* são muito semelhantes entre si, uma vez que apresentam colmos de baixo a médio diâmetro e carecem de interesse no melhoramento genético atual, principalmente devido à dificuldade de florescimento e esterilidade (Jordão Júnior, 2009). A *S. sinense* vegeta bem em solos pobres e duros e possui um sistema radicular bem desenvolvido, enquanto a *S. barberi* é um exemplo de cana-de-açúcar precoce, pois tem teor mediano de sacarose e alta

porcentagem de fibra e é resistente ao frio e susceptível ao vírus do mosaico da cana-de-açúcar (Cesnik e Miocque, 2004).

Por apresentar as características de sua inflorescência ser abortiva e de ser usada na alimentação local nos lugares onde é cultivada (James, 2004), a *S. edule* não tem participação efetiva nos programas de melhoramento.

As espécies (atualmente 14) que compõem o gênero *Miscanthus* têm a característica de serem plantas de ampla adaptabilidade, pois são cultivadas nos climas tropical, subtropical e temperado e em grande amplitude de altitudes, podendo sobreviver a mais de 3.000 m ao nível do mar (Ethirajan, 1987). Como possuem grande quantidade de fibras na sua composição química e grande quantidade de colmos na touceira, os quais podem atingir até 4 m de altura e 1 cm de diâmetro em média, algumas espécies como a *M. giganteus* estão sendo usadas na Europa para produção de fibras a serem usadas na cogeração de energia elétrica (Jordão Júnior, 2009). Outras espécies pertencentes a esse gênero (*M. giganteus*, *M. sinensis* e *M. sacchariflorus*, por exemplo) têm sido utilizadas nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, visando principalmente à obtenção de plantas adaptadas a climas temperados (Sally et al., 2000).

A ausência de *dewlap* (também conhecido como “cotovelo” da cana-de-açúcar), da lígula e da aurícula é a melhor forma de diferenciar as plantas do gênero *Erianthus* das do gênero *Saccharum*. Essas plantas do gênero *Erianthus* possuem destaque por seus colmos serem ricos em fibras, terem de 5 a 7 m de altura e, em média, 5 cm de diâmetro. Apresentam também resistência ao frio, à seca e a algumas pragas. Por isso já existem alguns trabalhos que demonstram a introgressão de *E. arundinaceus* com algumas espécies de *Saccharum* para aumentar a biomassa das cultivares (Jordão Júnior, 2009).

Estudos recentes com o uso de marcadores moleculares (Hodkinson et al., 2002) confirmam que, ao longo da evolução do gênero *Saccharum* que conhecemos hoje, houve, em um determinado momento, a hibridação com outros gêneros, como o *Miscanthus* (Pan et al., 2004), *Erianthus* (Dillon et al., 2007) e *Sclerostachya* e *Narenga* (Roach e Daniels, 1987). Em vista disto esses estudos tratam a hibridação das cultivares atuais como o “Complexo *Saccharum*”.

2.3. Fisiologia da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma planta perene ou semiperene que, mesmo sendo alógama, propaga-se comercialmente pela via assexuada (propagação vegetativa), por meio da germinação das suas gemas. Nos programas de melhoramento genético a forma sexuada é a preferencial, pois com a geração de sementes os melhoristas acabam tendo uma variabilidade genética maior, aumentando assim as chances de obter cultivares superiores (Cesnik e Miocque, 2004).

Essa planta tem capacidade de rebrota (Gascho e Shih, 1983). No Brasil, o primeiro corte (ou a primeira safra) é denominado “cana planta”, o segundo corte, “cana soca”, o terceiro corte é “cana ressoca” (ou “segunda soca” nos estados da região Nordeste) e, assim sucessivamente, durando por volta de cinco a seis safras antes de passar por um processo de renovação total do canavial (Matsuoka, et al., 2005).

A inflorescência da cana-de-açúcar é em forma de flecha (ou bandeira), a qual têm flores hermafroditas, sendo seu ovário oval com apenas um óvulo, com dois pistilos na extremidade, que termina em estigmas plumosos de cor roxa ou avermelhada (Silva, 2006). O órgão masculino é constituído por três estames formados por filamentos brancos e finos, cada um dos quais sustenta uma antera linear que é fixa pelo dorso (Corte-Brilho et al., 1981; Koehler et al., 1982; Muchow et al., 1996). Os grãos de pólen são esféricos quando férteis e prismáticos quando inférteis, e o fruto da cana-de-açúcar é uma cariopse elíptica alongada (Kortschak et al., 1965; Bacchi, 1985; Jones, 1985; Robertson et al., 1996).

O caule da cana-de-açúcar é do tipo colmo que apresenta juntas formadas de um nódulo (ou nó) e um entrenó (ou internódio), sendo o nódulo o local onde a folha está acoplada. Encontra-se também, no nó, uma região chamada de anel de crescimento, que é também o local onde as gemas se encontram de forma intercalada. O entrenó, como o nome sugere, corresponde à parte compreendida entre dois nós, podendo ou não possuir uma rachadura central, a depender da cultivar (Diola e Santos, 2010).

As folhas da cana-de-açúcar são alternadas e opostas e possuem lâminas de sílica em suas bordas e bainha ereta. Na fase inicial do seu desenvolvimento elas

tendem a ser levemente decumbente. O crescimento do colmo em altura continua até que haja algum fator de estresse - como falta de água, baixas temperaturas ou o florescimento. Dada a sua susceptibilidade a baixas temperaturas, recomenda-se o cultivo preferencialmente nas faixas de latitudes 35° N a 30° S, não devendo as altitudes ultrapassar 1.000 m acima do nível do mar. (Rodrigues, 1995).

A planta da cana-de-açúcar possui o aparato fotossintético C₄ (Taiz e Zeiger, 2008), assim chamado por formar compostos orgânicos com quatro carbonos, o que torna-a mais eficiente na conversão da energia radiante em energia química, com taxas fotossintéticas calculadas em até 100 mg de CO₂ fixados por dm² de área foliar por hora (Diola e Santos, 2010), valores que variam de cultivar para cultivar. Cada entrenó produz uma nova folha em cerca de dez dias, e uma folha mais velha morre, deixando um número constante de oito a nove folhas por colmo. A maior porção de luz interceptada é dada pelas seis folhas apicais (McCormick et al., 2006).

A cana-de-açúcar apresenta características adequadas para o cultivo em regiões tropicais, pois é adaptada a condições de alta intensidade luminosa, altas temperaturas e relativa escassez de água (França et al., 2001; Segato et al., 2006).

Nas condições climáticas mais comuns apresentadas na Região Centro-Sul do Brasil, a cana-de-açúcar possui duas épocas de plantio. A primeira época é compreendida pelos meses de setembro a novembro, e nela se cultivam preferencialmente canas-de-açúcar de ciclo mais precoce, denominadas de “cana-de-ano”, por analogia com seu ciclo, que dura aproximadamente 12 meses até o corte, o qual é realizado de novembro a abril. Na segunda época o plantio é realizado de janeiro à primeira quinzena de abril, e preferencialmente adotam-se as cultivares chamadas “cana-de-ano-e-meio”, por analogia ao seu ciclo completo até a maturação, que leva entre 14 e 21 meses. Essas cultivares tendem a ter seu ciclo mais tardio que o das demais cultivares, (Casagrande, 1991).

Há muita divergência entre os autores (Oliveira et al., 2001) quanto à faixa ótima de temperatura para o desenvolvimento da cana-de-açúcar. Tauconnier e Bassereau, (1975) recomendam uma temperatura na faixa dos 30° C a 34° C, de forma que com temperaturas tanto inferiores a 25° C quanto superiores a 38° C o

crescimento torna-se lento, devido ao estresse térmico. Acima dos 40° C seu crescimento é praticamente nulo.

Alguns estudos (Ratna et al., 1998) demonstram que, em média, a cana-de-açúcar necessita de três a nove milímetros de água diariamente. Essa amplitude no valor se deve à variação da capacidade de retenção de água no solo, da evapotranspiração, da cultivar, do ciclo em que se encontram as cultivares, da idade da planta, da temperatura e da umidade (Prakunhungsit et al., 2006). Ao utilizar a média dessa amplitude (6 mm) podemos inferir que ao longo do ano a cultura da cana-de-açúcar precisa de aproximadamente 2.100 a 2.200 mm de água.

2.4. Características genéticas da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é considerada o modelo extremo para compreender os mecanismos de impacto da poliploidia (McIntyre et al., 2006), tanto que serve de base para elucidar as abordagens e criar técnicas mais úteis para serem usadas em outros genomas poliplóides ou complexos como, por exemplo, o trigo (Cordeiro et al., 2006a).

Por ela ter um nível tão elevado de poliploidia (8x – 14x), alguns autores (Piperidis et al., 2010) a consideram uma espécie muito difícil de trabalhar em nível de melhoramento genético e genética molecular (Henry, 2010).

O genoma da cana-de-açúcar é mais complexo e amplo (≈ 3.000 Mbp) quando comparado a genomas de algumas *Poaceae* - por exemplo, o arroz (*Oriza sativa*) que possui aproximadamente 430 Mbp (D'Hont et al., 1996; Tomkins et al., 1999). Com o avanço das tecnologias envolvendo o DNA, atualmente outros autores (Paterson et al., 2009) comentam que esse número é bem maior do que se avaliou no final do século passado, tendo encontrado genomas da ordem de aproximadamente 10.000 Mbp.

O número cromossômico básico para os integrantes do “Complexo *Saccharum*” tem sido sugerido como $x = 5, 6, 8, 10$ e 12 desde 1987. Alguns números foram propostos ($x = 10$, por exemplo) por serem os valores mais encontrados nas *Andropogoneae* (Sreenivasan et al., 1987), mas a citogenética tem

tido um papel importante e decisivo para responder melhor a esses questionamentos sobre a parte genômica da cana-de-açúcar (Piperidis et al., 2010).

Alguns autores (Jannoo et al., 1999; Tomkins et al., 1999; Glaz et al., 2002; Cordeiro et al., 2006b) também comprovaram que na maioria dos indivíduos que compõem as espécies do “Complexo *Saccharum*” excede a 100 o número de seus cromossomos e outros, comprovam ainda, que seu genoma é de difícil análise e possui um complexo mecanismo de herança das suas características de importância agrônômica e industrial, tornando o melhoramento genético mais laborioso (D’Hont et al., 1998; Raboin et al., 2006; Teixeira, 2006).

No gênero *Miscanthus* existem algumas espécies extremamente invasoras, sendo consideradas plantas daninhas em alguns locais. Essas espécies possuem representantes diplóides e poliploides, com número básico de cromossomos em 19 e número cromossômico $2n = 38$ (diplóide), 57 (triplóide) ou 76 (tetraplóide) (Scally et al., 2000).

O gênero *Erianthus* geralmente é composto por indivíduos poliplóides (pode apresentar também indivíduos diplóides), com valores $x = 5, 8$ ou 10 e números cromossômicos $2n = 20 - 90$ (Besse et al., 1997). Entre as espécies que estão dentro da subdivisão *Ripidium* (pertencente ao “Complexo *Saccharum*”) estão *E. elephantinus* ($5x$ ou $10x = 2n = 20$), *E. arundinaceus* ($5x$ ou $10x = 2n = 40$ ou 60), *E. giganteus* ($5x$ ou $10x = 2n = 30$), *E. procerus* ($5x, 8x$ ou $10x = 2n = 40$) e *E. ravennae* tendo $5x$ ou $10x = 2n = 20$ (Besse et al., 1997; Besse e McIntyre, 1999). Alguns autores (D’Hont et al., 1995) afirmam que o número básico de cromossomos para *Erianthus* é $x = 10$ sendo revelado quando usada à técnica *FISH* (*Fluorescence in situ hybridization*) com as sondas 45S e 5S.

Segundo alguns autores (Grivet et al., 2006; Cordeiro et al., 2007), as outras espécies do “Complexo *Saccharum*” apresentam os seguintes genomas: *S. spontaneum* ($8x = 2n = 40$ a 128 segundo Panje e Babu, 1960); *S. robustum*, que primeiramente foi reconhecida por Price (1965), contendo cinco grupos híbridos, dos quais três apresentavam número cromossômico $2n = 60$ e os outros dois grupos como sendo $2n = 80$, sendo posteriormente descoberto um sexto grupo com $2n = 114$ a 205 ($10x = 2n = 60$ a 205 ; Rao, 1989); a *S. officinarum* ($10x = 2n = 80$, a única

espécie dentro do “Complexo *Saccharum*” a possuir um número invariável de cromossomos, segundo Bremer, 1961); a *S. sinense* ($2n = 116$ a 120 , segundo D'Hont et al., 2002), a *S. barberi* ($2n = 81$ a 124 ; D'Hont et al., 2002), e a *S. edule* ($2n = 60$ a 80 , segundo Cordeiro et al., 2007).

2.5. Caracterização da região canavieira paranaense

O zoneamento climático da cana-de-açúcar para o Estado do Paraná, até o momento dessa obra, ainda não conta com uma portaria publicada como ocorre em relação a outras culturas. Existem alguns trabalhos que mostram um zoneamento para alguns estados como, por exemplo, os estados de São Paulo (CIIAGRO, 2011), e do Rio Grande do Sul (MAPA, 2009) além do zoneamento agroecológico da cana-de-açúcar (EMBRAPA, 2009).

O Estado do Paraná possui algumas peculiaridades quanto ao plantio da cana-de-açúcar quando comparado aos demais estados produtores no Brasil. A primeira é que a região produtora - que envolve cerca de 200 municípios, compreendidos ao longo das regiões Norte Pioneiro, Norte Novo, Norte Novíssimo e Noroeste (Zambon, 2000) - está situada entre os paralelos $22^{\circ}30'$ S e 24° S, abaixo do recomendado pelos autores Tauconnier e Bassereau (1975).

A segunda é que a temperatura média anual dessas regiões varia de 20° a 25° C (SIMEPAR, 2011), ficando aquém das encontradas na literatura (Tauconnier e Bassereau, 1975), por isso pode ocorrer maior lentidão no crescimento e desenvolvimento da planta, como foi anteriormente comentado (Taiz e Zeiger, 2008). Existe a possibilidade de ocorrerem nos meses mais quentes temperaturas máximas superiores a 40° C, e no trimestre mais frio (junho, julho e agosto), temperaturas médias inferiores a 16° C (SIMEPAR, 2011), temperaturas, que também contribuem para uma repressão ao vegetal (James, 2004). A terceira peculiaridade é que anualmente ocorrem, em média, cinco geadas na região produtora, podendo gerar queda de produtividade (IAPAR, 2011).

Principalmente por esses três motivos é que o Paraná é considerado área limítrofe, e não área inapta para a cultura da cana-de-açúcar; e como o Paraná sempre esteve entre os maiores produtores de cana-de-açúcar do Brasil, os

programas de melhoramento genético contornam essas peculiaridades promovendo a pesquisa de cultivares mais tolerantes ao frio e recomendam que o plantio das cultivares existentes seja realizada em épocas em que os períodos mais críticos de crescimento, desenvolvimento e necessidade hídrica do vegetal (D'Hont et al., 2008), transpassem pelos meses mais frios e pela época de incidência das geadas (Zeni Neto et al., 2008).

A precipitação pluvial média anual da região canavieira paranaense está compreendida entre os 1.200 mm e 1.800 mm, podendo ser um pouco menor nas regiões mais ao extremo nordeste e extremo noroeste do Estado (IAPAR, 2011). É importante salientar que essas chuvas devem ser bem-distribuídas, o que seria muito mais importante do que somente a quantidade de chuvas propriamente dita. Ao longo do seu ciclo a cana-de-açúcar precisa de diferentes quantidades, maiores durante suas fases vegetativas e menores no final do seu ciclo (Waclawovsky et al., 2010), afim de que haja um estresse hídrico para ocorrer o acúmulo de sacarose nos colmos (Moore e Cosgrove, 1991; Papini-Terzi et al., 2009).

Os solos da região paranaense canavieira basicamente, na sua generalidade, constituem-se dos derivados do basalto (mais a nordeste do estado) e do arenito (deslocando-se para noroeste) tendo os argissolos, nitossolos e latossolos as ordens (derivadas do basalto) mais comuns e latossolos, neossolos e cambissolos as ordens que derivam do Arenito (EMBRAPA, 1999; Prado, 2005).

2.6. Melhoramento genético de plantas perenes

As espécies vegetais perenes apresentam alguns aspectos peculiares que tornam o melhoramento genético dessas bastante diferenciado quando comparado ao melhoramento das espécies anuais (Cornellius 1994). Outro aspecto é que a grande maioria apresenta reprodução sexuada (alógamas) ou mista (quando predominam os cruzamentos, mas ocorrem taxas de autofecundação inferiores a 50% e superiores a 5%), sendo raros os exemplos de reprodução assexuada (Resende, 2001).

Peculiaridades como sobreposição de gerações, ciclo reprodutivo longo e expressão dos caracteres ao longo de várias idades levam os melhoristas a utilizar

os indivíduos selecionados para produção por vários anos (Souza Júnior, 1993), o que demanda muito rigor e precisão nos métodos de seleção, o uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo, e seleção envolvendo comparações de indivíduos de diferentes gerações (incluindo-os também em diferentes condições ambientais) (Abe et al., 1995). Acrescenta-se a isso o fato desse processo requerer o uso de métodos de avaliação genética mais elaborados e seleção não somente para efeitos aditivos, mas como também para os efeitos não aditivos, visto que muitos indivíduos perenes são propagados através de propagação vegetativa (Resende, 2001).

Algumas vezes faz-se necessário privilegiar a unidade de seleção denominada “*indivíduo*” em detrimento da unidade de seleção “*média de grupos de indivíduos*”, fato que demanda a predição de valores genéticos individuais para seleção (Baudouin et al., 1997). Muitas vezes, por essas plantas perenes apresentarem taxa de sobrevivência reduzida ao longo das idades e associada à sobreposição de gerações faz com que experimentos com plantas perenes tendem a serem desbalanceados (Resende, 2001).

2.7. Histórico do melhoramento de cana-de-açúcar no Brasil e no mundo

No século XIX, uma doença conhecida comumente como *gomose* (*Xanthomonas vasculorum*) devastou praticamente todas as cultivares de cana-de-açúcar mais plantada no mundo, entre as quais se encontrava a “Caiana”, o que fez surgir um grande desafio aos produtores para obter cultivares mais resistente (Eisenberg, 1977). No Brasil, nessa época encontravam-se as cultivares Roxa, Rosa, Ubá e Cristalina, as quais eram cultivadas em substituição à “Caiana” (Machado Júnior et al., 1987). Esse cultivo aconteceu por mais de 30 anos, até a vinda para o país dos híbridos javaneses e indianos, os quais passaram a formar a base genética dos canaviais brasileiros (Junqueira e Dantas, 1964).

No ano de 1888 eram realizados diversos trabalhos nos dois principais centros de pesquisa em cana-de-açúcar no mundo, um localizado em Java (atual Jakarta, Indonésia) e o outro em Barbados, Ilha do Caribe, América Central (Rao, 1989). Com isso várias informações sobre florescimento, viabilidade de pólen e

formação de sementes de cana-de-açúcar, foram esclarecidas e muitas dúvidas sobre o melhoramento da cana-de-açúcar foram, de forma indireta, elucidadas, alavancando-se assim essa prática mundo afora (Rao, 1989).

Manoel Cavalcante, proprietário de um engenho de açúcar em Escada, PE, em 1892 obteve sucesso no desenvolvimento de *seedlings* da “Caiana” e selecionou a primeira cultivar brasileira (cultivar “Manteiga”), a qual, além de substituir a “Caiana”, contribuiu com o decréscimo da incidência da gomose (Junqueira e Dantas, 1964; Eisenberg, 1977).

No começo dos anos 20 do século XX, os canaviais mundiais entraram em forte declínio, devido ao vírus do mosaico da cana-de-açúcar (Arruda, 1941; Cesnik e Miocque, 2004). Com isso as canas-de-açúcar nobres, as quais eram muito ricas em sacarose, mas altamente susceptíveis a esse vírus, precisaram ser substituídas rapidamente por cultivares javaneses resistentes, tais como as POJ36 e POJ123, e também por cultivares Argentinas (prefixo NA) e Indianas (prefixo Co) (Junqueira e Dantas, 1964). No Brasil a substituição por cultivares POJ e Co aconteceu no ano de 1928 (Figueiredo, 2008).

As cultivares javanesas eram as mais requisitadas, pois aquela região passava por uma epidemia de uma doença conhecida como “Sereh” (assumida como vírus, Rao e Ford (2000)). Com isso em Java eram propostas novas cultivares tolerantes/resistentes a diversas doenças e adaptadas a diversas condições ambientais (Machado Júnior et al., 1987). Os melhoristas daquela região desenvolveram híbridos específicos de *S. officinarum* x *S. spontaneum* tolerantes, pois com a *S. officinarum* mantiveram a riqueza em sacarose e com a *S. spontaneum* acrescentaram rusticidade aos híbridos desse cruzamento, criando-se assim o processo denominado de “nobilização” da cana-de-açúcar (Ming et al., 2006).

Esses híbridos javaneses “nobres” espalharam-se acentuadamente pelo mundo, e tanto foi seu sucesso que um híbrido javanês chamado de POJ2878 era conhecido como a “cana maravilha de Java”. Em 1929 esse híbrido passou a ser plantado em 90% da área mundial cultivada com cana-de-açúcar (James, 2004).

Os híbridos javaneses no Brasil passaram, então, a deparar-se com outra doença: o carvão (*Sporisorium scitamineum*). Embora o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) tenha implantado um programa pioneiro de melhoramento genético de cana-de-açúcar, com as suas cultivares IAC36-25 e IAC47-31 e a cultivar importada NA56-79 (oriunda de uma autofecundação da Co419 realizada na Argentina), essas cultivares não puderam resistir a essa doença (Machado Júnior et al., 1987; Figueiredo, 2008).

Na época, o fungo *Sporisorium scitamineum* dizimou quase totalmente os canaviais brasileiros na época, o que levou os programas de melhoramento a buscarem outro objetivo no melhoramento genético da cana-de-açúcar que não apenas o aumento da produção somente (Matsuoka et al., 2005).

Por volta de 1933 foi criado um novo programa de melhoramento genético no Brasil, na região de Campos, estado do Rio de Janeiro, que passou a desenvolver as cultivares CB (Campos, Brasil), resistentes ao carvão (Machado Júnior et al., 1987).

Mais tarde, em 1959, foi formada a Cooperativa de Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (COPERSUCAR), que criou um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar e passou a liberar suas cultivares pelas usinas cooperadas em 1963, utilizando para as cultivares melhoradas a sigla SP (Fernandes et al., 1991).

No ano de 1966, pela parceria entre usinas de açúcar do Brasil e o Instituto do Açúcar e do Álcool (IAA), foi instituída a Estação Experimental da Cana-de-açúcar em Alagoas. Ainda nesse ano, foi feito um convite a Mangels Dorf, à época pesquisador e ex-diretor da Estação Experimental de Cana-de-açúcar no Havaí para elaborar um projeto que propusesse criar no Brasil um programa de pesquisas agrônomicas que incrementasse os números da produção brasileira de cana-de-açúcar (Machado Júnior et al., 1987). Esse projeto retorna finalizado em 1970 à Estação Experimental da Cana-de-açúcar em Alagoas, para então surgir o sólido Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (PLANALSUCAR) (Machado Júnior et al., 1987).

O projeto começou com a incorporação da Estação Experimental de Alagoas, localizada na Serra do Ouro, município de Murici. Os técnicos do PLANALSUCAR, após realizarem os cruzamentos, distribuíam as sementes aos subprogramas regionais (Carpina, em Pernambuco; Rio Largo, em Alagoas; Campos, no Rio de Janeiro e Araras, em São Paulo) a fim de serem testados em diferentes condições edafoclimáticas e socioeconômicas específicas (Matsuoka, 1988).

Após os resultados das avaliações agrônômicas, as primeiras cultivares do PLANALSUCAR foram liberadas em 1977, levando a sigla RB (República do Brasil) no nome (Oiticica, 1977). Entre os destaques estava a cultivar RB72454, que até os dias de hoje tem ampla área de plantio e alto potencial econômico nas usinas e destilarias de açúcar e álcool no Brasil (Matsuoka, 1988).

O PLANALSUCAR, juntamente com o IAA, em 1990 foi extinto pelo Governo Federal, e após esse acontecimento, todo o corpo técnico, a infraestrutura das sedes, coordenadorias e estações experimentais passaram a integrar sete Universidades Federais (UF) sendo elas: UFAL, UFRPE, UFRRJ, UFSCar, UFV, UFPR e a UFS, formando assim a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), a qual leva consigo o direito sobre a nomenclatura RB nas cultivares de cana-de-açúcar (Matsuoka et al., 2005).

Em 2003, com o capital privado do grupo Votorantim S.A., foi formada a empresa CanaVialis S.A. como o mais novo programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar no país, o qual introduziu suas cultivares CV (Matsuoka et al., 2005). Posteriormente, em 2009, o grupo MONSANTO S.A. adquiriu o direito sobre as cultivares CV.

Em 2004 a COPERSUCAR tornou-se o Centro de Tecnologia Canavieiro (CTC), tendo, além das cultivares SP, as cultivares que levam a sigla CTC no nome (Matsuoka et al., 2005). Os programas RB e SP têm sido responsáveis pelo melhoramento das cultivares que ocuparam mais de 90% da área cultivada com cana-de-açúcar no país até o presente momento (RIDESA, 2010).

Atualmente o Brasil possui quatro principais programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar: 1) o do IAC (www.iac.sp.gov.br); 2) o do CTC

(www.ctc.com.br); 3) o da RIDESA (www.ridesa.com.br); e 4) o da MONSANTO (www.canavialis.com.br/src/).

2.8. Histórico da RIDESA

Na atualidade a RIDESA tem seu principal destaque como parceira de 95% das usinas e destilarias nacionais de açúcar e álcool, correspondendo a aproximadamente 300 empresas. Conta, também, com 72 estações e subestações experimentais espalhadas pelo Brasil. Produz anualmente, para serem testados e selecionados, quatro milhões de *seedlings*, originados de um banco de germoplasma composto por 2.500 genitores. É proprietária de duas estações de cruzamentos, uma situada na Serra do Ouro, município de Murici, Alagoas, e a outra em Devaneio, município de Amaraji, no Estado de Pernambuco (RIDESA, 2010).

A RIDESA, ao longo dos seus 20 anos de existência, lançou cultivares que contribuíram significativamente com o setor sucroalcooleiro, como é o caso da RB867515 (RIDESA, 2010).

A cultivar RB72454, de acordo com diversos censos varietais realizados pelo PLANALSUCAR e pela RIDESA (RIDESA, 2010), foi a cultivar mais plantada no Brasil por diversos anos, podendo ser considerada a cultivar de cana-de-açúcar mais plantada no mundo. Atualmente, mesmo tendo-se passado 22 anos após sua liberação nacional, a RB72454 ainda encontra-se presente em extensiva área nos canaviais brasileiros. No último censo da RIDESA, realizado em 2008, a RB72454 ficou em 3º lugar entre as cultivares de cana-de-açúcar mais plantada no país (RIDESA, 2010). O PMGCA/UFPR/RIDESA possui hoje três cultivares protegidas e registradas para uso no território nacional, que são as RB946903, RB956911 e RB966928 (RIDESA, 2010).

Maiores e mais detalhadas informações sobre o histórico do PLANALSUCAR e da RIDESA podem ser obtidas nas obras de Cesnik e Miocque, (2004) e RIDESA (2009 e 2010).

2.9. Melhoramento genético da cana-de-açúcar

Como visto anteriormente, o melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil é realizado mediante parceria entre as instituições públicas ou privadas e o setor produtivo.

Generalizando, segundo Resende e Barbosa (2005), o melhoramento genético da cultura da cana-de-açúcar pode ser exemplificado em três esquemas: 1) para a obtenção de clones superiores é realizado cruzamentos oriundo da seleção das progênies formadas desse cruzamento. Essa seleção é feita de forma massal, e depois sendo esses clones são selecionados e submetidos a teste clonais; 2) as progênies são analisadas em experimentos com repetições, sendo que os dados obtidos provêm das medições realizadas em nível de indivíduos. São selecionados clones potenciais com valores genotípicos elevados, os quais podem ser preditos pelo procedimento BLUP (em inglês, *Best Linear Unbiased Predictor* que em livre tradução seria Melhor Preditor Linear não Viciado) individual; 3) realizam-se testes de famílias com experimentos que contém repetições, não sendo assim as medições realizadas em nível de indivíduos.

Esse último procedimento tem sido amplamente adotado para a cana-de-açúcar no Brasil. Nesse caso, as parcelas experimentais são colhidas em sua totalidade para posteriormente se estimar o número de indivíduos que devem ser selecionados dentro de cada família para poderem ser submetidos a teste clonais. Tal esquema é denominado BLUP individual simulado (BLUPIS), e foi proposto por Resende e Barbosa (2006).

No melhoramento da cana-de-açúcar a complexidade apresentada pelo genoma da planta, a natureza híbrida das cultivares com padrões citogenéticos de difícil análise e o alto grau de ploidia e aneuploida são as principais dificuldades encontradas pelos melhoristas (Heinz e Tew, 1987). Outras dificuldades se constituem, como o fato de o período de obtenção da nova cultivar ser longo e oneroso (Calija et al., 2001; Rattey et al., 2004) e também de ser pequena a porcentagem de plantas selecionadas nas etapas finais de melhoramento genético (Landell et al., 1999).

Os programas brasileiros de melhoramento genético da cana-de-açúcar, segundo (Barbosa e Silveira, 2010) contornam essas dificuldades praticando uma

forma de seleção denominada Seleção Recorrente (SR). Segundo alguns autores (Guimarães e Fehr, 1989; De Koeber et al., 1993; Allard, 1999), a SR é todo o processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção das progênes, suas avaliações e o intercruzamento (ou recombinação) das melhores.

Informalmente, de forma implícita, pode-se dizer que na cultura da cana-de-açúcar é realizada a seleção recorrente intrapopulacional (SRI), pois os clones superiores gerados no final do método do cruzamento, seguido pela seleção dos melhores clones, são recombinados para gerar as famílias híbridas para um novo ciclo seletivo (Resende e Barbosa, 2005; Barbosa e Silveira, 2010).

A seleção recorrente permite o aumento gradativo da frequência dos alelos favoráveis por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos melhores indivíduos das melhores progênes (Fehr, 1987). Isso é relevante porque a maioria dos caracteres de importância agrônômica da cana-de-açúcar é controlada por vários genes, e por isso a probabilidade de um clone vir a possuir todos os alelos favoráveis é muito baixa, logo, surge a importância da recorrência (Barbosa e Silveira, 2010).

A cana-de-açúcar apresenta duas características importantes para o seu melhoramento genético: a autoincompatibilidade (Koltunow, 1993) e a machoesterilidade (Edwardson, 1970). Delas, a mais relevante é a última, pois é ela que determina se o indivíduo será usado como doador ou receptor de pólen, ou seja, será o indivíduo masculino ou feminino (Heinz e Tew, 1987).

Segundo Allard (1999), o primeiro passo de qualquer programa de melhoramento genético é sincronizar o florescimento dos genitores para gerar as sementes. Em cana-de-açúcar, sabe-se quanto isso é difícil para esses programas, pois o florescimento é sazonal e assim a maioria dos genitores apresenta indução de florescimento e emergência das panículas durante o encurtamento dos dias (Moore, 1987) e quando isso não for possível por características desfavoráveis do ambiente, como fotoperíodo, temperatura e umidade, melhoristas têm que induzir de forma artificial o florescimento (Nayamuth et al., 2003).

Conclui-se que para o melhoramento é desejável o florescimento para a obtenção dos novos híbridos, mas para o foco comercial acontece o contrário,

porque com o florescimento pode haver interrupção do crescimento, aumento no consumo de energia e o murchamento das células parenquimáticas, fenômeno denominado popularmente de “chochamento” ou “isoporização” (Ming et al., 2002; Barbosa et al., 2005).

Muitas são as características consideradas pelos melhoristas para definir os genitores (Kimbeng e Cox, 2003), mas de acordo com Barbosa e Silveira, (2010), esses profissionais consideram a genealogia, a divergência genética e a associação das características de importância agroindustrial como as mais importantes. Lascano e Mariotti (1969) consideram ser importante também o conhecimento da capacidade de combinação dos genitores. Por sua vez, Matsuoka et al., (2005) relevam a importância da herdabilidade no sentido restrito das diferentes características para prever ganhos com a seleção de genitores, visto que a variância aditiva permite prever quais são as características altamente herdadas pelas progênes, podendo utilizá-los para a formação da geração seguinte (Bonato et al., 2006; Melo et al., 2006).

Conforme Matsuoka et al., (2005), tendo o conhecimento de todo esse panorama, o melhorista pode realizar os cruzamentos de três formas distintas. A primeira e a mais empregada pelos melhoristas são os cruzamentos biparentais (ou simples), nos quais são conhecidos os indivíduos macho e fêmea; a segunda são os policruzamentos, em que é conhecido somente o indivíduo fêmeo, pois, pelo grande número de indivíduos machos que são postos para doarem pólen, fica difícil a sua identificação; e a terceira é o cruzamento livre, em que não há o controle do melhorista em nenhum dos indivíduos, apenas coleta-se as inflorescências crescidas livremente.

Os cruzamentos biparentais em cana-de-açúcar são preferidos, pois é possível eles serem reproduzidos novamente (Breaux, 1987). Este fato torna possível o teste de progênes de uma série de cruzamentos em pequena escala, a repetição dos cruzamentos “elites” e o cultivo dos *seedlings* resultantes em grande escala; mas o sucesso desta estratégia depende do tempo e da facilidade e confiabilidade com que os cruzamentos “elite” podem ser identificados (Pedrozo et al., 2008). Isso é exatamente a desvantagem quando se usa o policruzamento, porque após a seleção não é possível repetir o cruzamento na intenção de

selecionar mais variedades a partir da combinação estabelecida de progenitores masculino e feminino (Jordão Júnior, 2009).

Em cana-de-açúcar, quando se passa por todas as fases de melhoramento genético, vai de 12 até 15 anos o tempo que decorre entre a realização do cruzamento nas estações de cruzamentos e a liberação comercial da cultivar (Kimbeng, et al., 2003).

2.10. Seleção individual de cana-de-açúcar

Allard (1999) define o termo *seleção* como a reprodução diferenciada de diferentes indivíduos, ou sob a ação da natureza ou sob a ação do homem. A seleção natural é aquela que ocorre sem a intervenção do homem, sendo o *ambiente* em que estão esses indivíduos o maior responsável por sua mortalidade ou sobrevivência (Fehr, 1987).

A seleção artificial é aquela realizada conforme os critérios estabelecidos pelos melhoristas, os quais deslocam a média genotípica da população na direção que eles desejam, alterando assim as frequências alélicas dos locos que controlam tais critérios para conclusão do(s) objetivo(s) proposto(s) pelos melhoristas (Resende, 2002).

Por sua vez, a seleção individual, também conhecida por seleção massal, é aquela em que as plantas são selecionadas nos seus valores fenotípicos, na qual não há repetições dos indivíduos selecionados e muitas vezes esses indivíduos se encontram em um único ambiente (Falconer e Mackay, 1996). Como a seleção massal é tida como um método que permite uma resposta rápida (para ganho de seleção) principalmente em populações com grande variabilidade genética, a sua eficiência tende a ser restritiva quando avaliadas características de baixa herdabilidade (Skinner et al., 1987).

No caso da cana-de-açúcar a seleção, além de ser visual, leva em conta as características indiretas de produção (Matsuoka et al., 2005). São características secundárias como a altura de plantas, o diâmetro de colmos, o número de perfilhos e o °Brix (Kimbeng et al., 2003) que se relacionam com a produção final de tonelada

de cana por hectare (TCH), e tonelada de pol por hectare (TPH), por exemplo, (Matsuoka et al., 2005).

Bressiani, (2001) conclui que alguns fatores - como a quantidade de variabilidade genética existente, a população que está sendo avaliada, a herdabilidade da característica estudada nessa população e a magnitude do ganho genético esperado dessa característica - influenciam diretamente a eficiência do melhoramento genético da cana-de-açúcar.

2.11. Seleção de famílias em cana-de-açúcar

Com base na premissa de que a seleção de indivíduos superiores será mais eficiente se for conduzida com populações de maior média ou maior frequência de alelos favoráveis (Shanthi et al., 2008) alguns programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no mundo têm praticado a seleção de famílias (Bressiani, 2001; Barbosa et al., 2005), principalmente quando as características estudadas possuem maiores herdabilidades nas médias de famílias do que nas herdabilidades individuais (Barbosa e Silveira, 2010).

A seleção de famílias também pode ser adotada quando as características de seleção são de baixa herdabilidade, pois quando temos pouca ou nenhuma repetição e em apenas um ambiente, o maior viés é a ocorrência dos efeitos ambientais, sendo que esse viés tende a se anular, por isso a média fenotípica em nível de famílias é mais concordante com a média genotípica (Bressiani, 2001; Oliveira et al., 2008).

O objetivo da prática de seleção de famílias é escolher as melhores e rejeitar as piores, pois essas últimas teriam valores genéticos muito baixos (Kimbeng et al., 2001). Quando selecionados os melhores indivíduos dentro das melhores famílias é alta a probabilidade de encontrar indivíduos superiores nas últimas fases de seleção do programa de melhoramento (Kimbeng et al., 2003).

Outros pontos positivos da seleção de famílias é que ela traz efeitos favoráveis aos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, por poder informar o valor genotípico dos cruzamentos, identificando os clones mais

promissores para novos cruzamentos (Kimbeng et al., 2003), além disso, ela permite prever cruzamentos superiores e assim direcionar todos os esforços nesses cruzamentos elites, o que aumenta a probabilidade de encontrar e selecionar os melhores indivíduos (Skinner et al., 1987).

Como a seleção de famílias é uma ferramenta que auxilia a tomada de decisão dos melhoristas, seus resultados podem ser mais lapidados quando usada a seleção massal conjuntamente (Cox et al., 1993). Assim sendo, as famílias são avaliadas em ciclo de cana-planta, e depois de as melhores famílias terem sido ordenadas, agora em ciclo de cana-soca, realizar-se-á a seleção massal dentro dessas famílias (Oliveira et al., 2008).

Essas técnicas de seleção também já foram evidenciadas de forma combinada por estudos que comprovaram que a seleção de indivíduos dentro das melhores famílias previamente selecionadas é mais eficaz quando comparada com seleção de famílias e seleção de indivíduos de forma separada (Jackson e McRae, 1998; Kimbeng et al., 2000; Kimbeng et al., 2003). Nesses mesmos trabalhos supracitados, características como tonelada de pol por hectare (TPH) e tonelada de colmo por hectare (TCH) foram avaliadas em ciclo de cana-planta e no ciclo de cana-soca, tendo-se constatado grande correlação com outras características que influenciam nas produtividades - como °Brix, a altura e o diâmetro de colmos.

Ainda no âmbito das vantagens com os estudos das famílias está também a possibilidade de inferir, pelos valores genéticos obtidos dos genitores, qual será a *performance* de suas progênes (Cox et al., 1998). Então os melhores genitores seriam cruzados, finalizando com a seleção de famílias, e logo após, dentro dessas famílias selecionadas se procederá à seleção dos melhores indivíduos, os quais poderão ser explorados comercialmente ou utilizados no banco de germoplasma como genitores de futuros cruzamentos (Kimbeng et al., 2003).

Com o uso da metodologia de seleção de famílias também há a possibilidade de estudos sobre a capacidade específica de combinação (CEC) e da capacidade geral de combinação (CGC). Resultados obtidos por Hogarth et al., (1981) mostram que a variância genética aditiva foi superior para °Brix, o número, o diâmetro e a altura de colmos. Os autores relatam também a significância da

variabilidade genética não-aditiva para todas essas características, exceto para °Brix e número de colmos. Esses resultados são concordantes com Bastos, et al., (2003), que verificaram que a variância aditiva (originada da CGC) é tão importante quanto à variância genética não aditiva (originada da CEC) para as características de importância econômica da cana-de-açúcar.

2.12. Estimativas de máxima verossimilhança restrita (REML)

Nos programas de melhoramento genético, tanto a estimativa dos componentes de variância quanto à predição dos valores genéticos são aspectos-chaves na análise genético-quantitativa de características de importância econômica e agrônômica (Cadena-Meneses e Castillo-Morales, 2000a, 2000b, 2002). A estimação precisa dos parâmetros genéticos é de fundamental importância nos programas de melhoramento genético, pois permite prever o valor genético dos genótipos e a identificação daqueles geneticamente superiores (Mora et al., 2008).

Durante muito tempo a análise de variância (ANOVA) e a análise de regressão foram os principais métodos de análise e modelagem estatística (Nelder e Wedderburn, 1972), entretanto essas técnicas têm limitações para lidar com dados desbalanceados e também com parentesco entre tratamentos (Goddard, 1992). O método REML permite lidar com essa situação, admitindo maior flexibilidade e eficiência na modelagem (Smith et al., 2001). Tal procedimento constitui-se no método padrão para a análise estatística em uma grande gama de aplicações. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância e, conseqüentemente, a predições igualmente imprecisas de valores genéticos (Resende, 2007).

Em experimentos agrônômicos, zootécnicos e florestais, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA, criado pelo cientista inglês Ronald Fisher (1926). Na verdade, REML é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas, sendo que essa última é apenas um procedimento aproximado. Para situações simples, os dois procedimentos são equivalentes (Resende, 2007).

O REML é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação

fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente (Littell, 2002). Estimativas de componentes de variância são essenciais em pelo menos três aplicações: i) conhecimento do controle genético dos caracteres visando ao delineamento de eficientes estratégias de melhoramento; ii) predição dos valores genéticos do candidato à seleção; e iii) determinação do tamanho da amostra (número de repetições, por exemplo) e forma de amostragem adequada para a estimação precisa de parâmetro e para a maximização da acurácia seletiva (Resende, 2007).

Resende et al., (1996) realizaram análises em três procedimentos de estimação de componentes de variância a fim de obterem a predição de valores genéticos: mínimos quadrados (LS – *Least Squares*), máxima verossimilhança (MS – *Maximum Likelihood*) e máxima verossimilhança restrita (REML – *Restricted Maximum Likelihood*). Os autores concluíram que o procedimento REML, embora computacionalmente mais complicado, foi o mais preciso, e que a seleção e a estimação de ganhos genéticos devem ser realizadas pelo procedimento REML interagindo nas equações de modelo misto (BLUP) (Candido et al., 2009).

O método REML permite produzir estimativas ou predições mais acuradas de efeitos de tratamentos quando existem dados perdidos nos experimentos. As predições dos efeitos aleatórios são forçadas em direção à média geral (efeito “*shrinkage*”), penalizando estimativas baseadas em pequenas amostras (Candido et al., 2009). Permite, ainda, o ajuste de diferentes variâncias de cada grupo de tratamento, ou seja, permite considerar variâncias heterogêneas, bem como a modelagem da estrutura de correlação em experimentos com dependência espacial, e medidas repetidas e em múltiplos experimentos (Resende, 2004)

A função (L) de verossimilhança restrita expressa em termos do logaritmo pode ser maximizada (visando obter as estimativas REL dos componentes de variância) empregando-se diferentes algoritmos, tais quais: i) *expectation – maximization* (EM) de Dempster et al., (1977); ii) *derivate free* (DF) de Graser et al., (1987); iii) *average information* (AI) de Gilmour et al., (1995); Johnson e Thompson, (1995) e iv) *parameter extended* (EM), de Foulley e Dyk, (2000). Esses algoritmos geraram as denominações EMREML, DFREML, AIREML e PX-EM respectivamente (Resende, 2007).

Resende (2002) descreve a importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo REML nos modelos mistos, por ser este uma metodologia que permite gerar estimativas não tendenciosas dos parâmetros. Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações (Cândido et al., 2009). Isso torna a avaliação genética pelos modelos mistos um instrumento mais eficaz que a avaliação a partir de estimativas pelo método dos mínimos quadrados, para seleção de genitores, famílias e clones, com o uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliados no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (Resende e Sturion, 2000).

2.13. Melhor preditor linear não viciado (BLUP)

O procedimento BLUP foi desenvolvido por Henderson (1974) no contexto de modelos mistos, com a finalidade de prever valores genéticos de animais para a produção de leite sob condições de desbalanceamento nos dados (White e Hodge, 1988, 1989), combinado com REML (Patterson e Thompson, 1971). Atualmente o BLUP vem sendo usado corriqueiramente em programas de melhoramento genético tanto animal quanto vegetal (Piepho et al., 2008; Piepho e Möhring, 2011; Viana et al., 2011).

De maneira genérica, a predição pode ser efetuada por três procedimentos e situações distintas: 1) Melhor Predição – BP (*Best Prediction*); 2) Melhor Predição Linear – BLP (*Best Linear Prediction*); 3) Melhor Predição Linear Não Viesada – BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). O primeiro procedimento (método BP) utiliza os mesmos pesos ponderadores das informações fenotípicas para todos os indivíduos candidatos à seleção, ao passo que os métodos BLP e BLUP implicam a utilização de diferentes pesos para os candidatos à seleção (Cândido et al., 2009). Dentre esses procedimentos, o BLUP é o mais completo e conduz à maximização do ganho genético por ciclo de seleção (Resende, 1997a, 1997b).

O procedimento ótimo de seleção é o BLUP para os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g), dependendo da situação. O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva, portanto é superior a qualquer outro índice de seleção combinada, exceto aquele que usa todos os efeitos

aleatórios do modelo estatístico [(índice multiefeitos, conforme Resende e Higa, 1994)], o qual é o próprio BLUP para o caso de dados balanceados (Resende e Fernandes, 1999).

O BLUP também permite o uso simultâneo de várias fontes de informações tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias colheitas. O BLUP individual utiliza todos os efeitos do modelo estatístico, contempla o desbalanceamento, utiliza parentesco genético entre os indivíduos em avaliação e considera a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação (Resende, 2007). A predição com o uso do BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos, entretanto, na prática, são necessárias estimativas fidedignas dos componentes de variância (parâmetros genéticos), para se obter o que se denomina BLUP *empírico* (Harville e Carriquiry, 1992).

No contexto da metodologia de modelos lineares mistos, os efeitos aleatórios usualmente são preditos por meio do método da melhor predição linear não tendenciosa, usando-se a maximização da função de densidade conjunta, que considera tanto os efeitos fixos como os aleatórios do modelo. Por sua vez, a melhor estimativa linear não tendenciosa dos efeitos fixos (BLUE; *Best Linear Unbiased Estimation*) também pode ser obtida por meio do sistema de equações de modelos mistos (Henderson et al., 1959; Mora et al., 2008) Dada a necessidade de realizar cálculos complexos, a utilização do BLUP como método rotineiro de análise apenas se tornou possível a partir do avanço no campo computacional, sobretudo com o desenvolvimento de *softwares* estatísticos que traziam algoritmos especializados já implementados (Nunes, 2006).

Não obstante, Henderson et al., (1959) alertam que em caso de experimentos balanceados, não havendo ou não se conhecendo o parentesco entre os genótipos, as soluções do modelo misto (BLUP) e as soluções dos quadrados mínimos (BLUE) podem levar ao mesmo ordenamento dos genótipos (Candido et al., 2009).

Uma condição para que BLUE e BLUP detenham a propriedade de mínimo erro quadrático médio é que os componentes de variância genéticos e não genéticos

sejam conhecidos (Bernardo, 1996, 2003). Como na prática estes componentes são desconhecidos, eles devem ser estimados por algum método (Robinson, 1991), e o método que tem sido rotineiramente utilizado para estimar esses componentes desconhecidos de variância em modelos mistos é justamente o REML - método da máxima verossimilhança restrita (Patterson e Thompson, 1971).

White e Hodge (1989) apresentaram várias propriedades úteis do BLUP referentes ao melhoramento genético vegetal, entre as quais se destacam: a) permitir a estimação e predição não viesadas em um procedimento único; b) poder levar em conta efeitos de seleção e endogamia ao longo das gerações, desde que o grau de relacionamento genético entre os indivíduos avaliados seja conhecido; c) a correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos ser máxima dentre as classes de preditores lineares não viesados; d) poder predizer o valor genético dos indivíduos observados ou não; e) as variâncias e os erros das predições BLUP serem menores em relação a outros métodos; f) possuir o menor erro quadrático médio dentre todos os preditores lineares não viesados (Candido et al., 2009).

2.14 Modelos mistos (REML/BLUP)

O procedimento ótimo de avaliação genotípica refere-se ao REML/BLUP (Máxima verossimilhança restrita ou residual/melhor predição linear não viciada ou viesada), também comumente denominada de “modelos mistos” (Hayes e Hill, 1980). Esses procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento experimental, conduzindo a estimações e predições mais precisas de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente (Resende, 2001). As propriedades teóricas desejáveis da metodologia de “modelos mistos” com vistas à estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, além das fórmulas adequadas para cada uma das várias situações experimentais, são demonstradas com maiores detalhes por Henderson, (1982); Resende e Fernandes (1999); e Resende (2000, 2001 e 2002).

Quando foi proposta por Henderson (1949), a metodologia dos “modelos mistos” viria a servir de aplicação na avaliação genética de bovinos, sendo apresentada pela primeira vez em 1973 (Henderson, 1973); mas foi somente na

década de 80 que, devido aos avanços nos recursos de computação e informática, permitiu-se o uso dessa metodologia de forma mais ampla, além do uso em outras áreas (Resende, 2002).

As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: i) permite comparar indivíduos por meio do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); ii) permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; iii) permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamento); iv) pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais; v) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas; vi) permite o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que se ajusta melhor aos dados e vii) ser parcimonioso (apresenta menor número de parâmetros) (Resende, 2007).

2.15. Diversidade genética em cana-de-açúcar

Desde a classificação mais atual da *S. officinarum* feita por Whalen (1991), a caracterização da diversidade genética das *Saccharum* spp. era baseada em dados morfológicos, no número de cromossomos e na distribuição geográfica, o que tornava a questão muito controversa para alguns autores (Daniels e Roach, 1987; Irvine, 1999). Grivet et al., (2004 e 2006) e Selvi et al., (2006) utilizaram dados moleculares para ajudar a elucidar a domesticação e a evolução da cana-de-açúcar, com vista a resolver tal controvérsia.

Revisões extremamente importantes sobre medidas de distâncias genéticas, não só em cana-de-açúcar, mas também em outras espécies, podem ser encontradas em Felsenstein (1984); Nei (1987); Beaumont et al., (1998); Mohammadi e Prasanna, (2003). Quando se usam dados moleculares, as análises são realizadas em matrizes binárias (0 e 1 representando respectivamente ausência e presença de alelos). As medidas mais encontradas na literatura de cana-de-açúcar para avaliação de diversidade são o coeficiente de Nei e Li (Nei e Li, 1979), coeficiente de Jaccard (Jaccard, 1908), e o coeficiente simples proposto por Sokal e Michener (1958).

Alternativamente estão sendo usadas análises multivariadas, as quais simultaneamente levam em consideração múltiplas medidas realizadas em cada indivíduo em estudo, para um conjunto de dados bioquímicos, morfológicos ou moleculares (Mohammadi e Prasanna, 2003). Entre os algoritmos para análise de agrupamentos os que mais se destacam em cana-de-açúcar e em outras espécies agrônomicas de interesse são o UPGMA (*Unweighted Paired Group Method using Arithmetic averages*; (Sneath e Sokal, 1973) e a análise de componentes principais (PCA) e de coordenadas principais (PCoA), os quais estão se tornando cada vez mais acessíveis pelo o uso de *softwares* exclusivos, tornando-se assim uma ferramenta indispensável aos melhoristas (Aitken et al., 2006).

As análises de diversidade genética em cana-de-açúcar foram baseadas em informações fenotípicas (Stevenson, 1965; Skinner et al., 1987) ou em dados moleculares (Glaszmann et al., 1990; Burnquist et al., 1995).

As medidas baseadas no primeiro grupo foram sendo avaliadas por meio de dados de *pedigree* (Lima et al., 2002), morfológicos (Brown et al., 2002) e de desempenho agrônomico (Skinner et al., 1987). Dados bioquímicos obtidos a partir de isoenzimas (Glaszmann et al., 1989; Pocovi et al., 2008), e mais recentemente os marcadores moleculares baseados em DNA (Lu et al., 1994; D'Hont et al., 2002; Aitken et al., 2006), facilitaram ainda mais a diferenciação dos genótipos.

O estudo de diversidade genética teve seu ponto de maior destaque quando Lima et al., (2002) concluíram que os gêneros *Narenga*, *Scleostachya*, *Erianthus* e *Miscanthus*, que até então se afirmava poderem fazer parte do “*Complexo Saccharum*” (Mukherjee, 1957), pois, em algum momento, na linha evolutiva acreditava-se em hibridações interespecíficas baseadas em avaliações morfológicas, ou seja, em informações que tinham por base a alta influência ambiental, a qual conduz a uma variação contínua e de alta plasticidade, o que não reflete as informações genéticas do gênero *Saccharum* propriamente ditas. Estudos moleculares posteriores sugeriram que, na verdade, os híbridos comerciais atuais de cana-de-açúcar são hibridações de *S. officinarum* e *S. spontaneum* apenas (Irvine, 1999; D'Hont et al., 2002).

Essas hibridações provavelmente ocorreram quando os melhoristas de cana-de-açúcar verificaram que as primeiras seleções, feitas por seleção recorrente, foram tão bem-sucedidas em ganhos de produtividade e outras características

agronômicas importantes para a época que os produtores eram incentivados a realizar os mesmos cruzamentos ano após anos, resultando, em longo prazo, na informação de que a base genética da cana-de-açúcar seria estreita (Aitken e McNeil, 2010). Preocupados com tal informação, na década de 60 os melhoristas começaram a reorganizar os cruzamentos, na tentativa de incrementar a variabilidade genética dentro da cultura da cana-de-açúcar (Berding e Roach, 1987; Miller e Tai, 1992). Pelo menos 31 coleções de germoplasma selvagem foram montadas entre 1892 e 1985 com a finalidade de obter hibridações que até então não tinham sido realizadas (Brown et al., 2002).

Devido à natureza híbrida, à heterozigosidade e alto nível de ploidia da cana-de-açúcar, existe uma grande variabilidade genética guardada dentro das cultivares (Al-Janabi et al., 1994). Esse fato vem sendo exaustivamente explorado pelos melhoristas de cana-de-açúcar, mas há evidências de que o melhoramento da cultura está decrescendo em relação às principais culturas de interesse econômico (Bonnett et al., 2008), pois os incrementos alcançados estão ficando cada vez mais onerosos e laboriosos depois que os avanços atingiram um *plateau* de mais de 30 anos de pesquisa (Roach, 1989).

A base genética das atuais cultivares de cana-de-açúcar é limitada, devido ao número relativamente baixo de clones selvagens de *S. spontaneum* e *S. officinarum* usados nos primórdios dos mais antigos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar (Arceneaux, 1967).

Com o advento de técnicas moleculares, muitas pesquisas foram feitas para quantificar em nível de DNA a diversidade presente no gênero *Saccharum*. Entre elas estão aquelas que são feitas com o uso de RFLP (Glaszmann et al., 1990; D'Hont et al., 1993; Lu et al., 1994; Burnquist et al., 1995; Jannoo et al., 1999), com o uso de RAPD (Nair et al., 1999, 2002), com a técnica de AFLP (Selvi et al., 2005, 2006; Aitken et al., 2006), por meio de SSR (Cordeiro et al., 2003; Cai et al., 2005a), de inter-*Alu* PCR (Alix et al., 1999), e de TRAP; (Alwala et al., 2006). Todos esses trabalhos usaram, para atender a objetivos, como análise filogenética, relações interespecíficas e diversidade genética entre as espécies do gênero *Saccharum* e também entre outros gêneros.

Incorporar mais diversidade genética presente em cultivares selvagens nos programas de melhoramento genético não garante o aumento da taxa de

incrementos nas principais características de interesse (Tanksley e McCouch, 1997), mas amplia a base genética da cana-de-açúcar dentro desses programas de melhoramento, e assim se pode fornecer uma quantidade maior de cruzamentos a serem realizados pelos melhoristas, aumentar a probabilidade de encontrar cultivares mais resistentes a estresses bióticos e abióticos (Wang et al., 2008) e aumentar a biomassa ou outros traços de interesse (Aitken e McNeil, 2010).

A principal questão levantada nesse assunto é como identificar o material que deverá ser incorporado nesse grande depósito de diversidade genética que está disponível. A maioria dos estudos com diversidade genética molecular tem sido feitos com um número muito limitado de clones e por isso fornecem informações limitadas (Aitken e McNeil, 2010). Sabe-se que em coleções de *S. officinarum* (Jannoo et al., 1999; Aitken et al., 2006) a diversidade foi amplamente estudada e aplicada pelos melhoristas.

Por outro lado, existem estudos realizados, por exemplo, com *S. spontaneum*, espécie da qual não foram realizadas análises com tanta profundidade assim, e com híbridos de espécies do gênero *Erianthus* (Cai et al., 2005b; Aitken et al., 2007b) que ainda precisam de atenção detalhada, pois certamente forneceriam aos melhoristas recursos adicionais para expandir a base genética da cana-de-açúcar e assim aumentar a possibilidade de encontrar cultivares com altos valores das características de interesse (Cai et al., 2005b).

Uma forma atualmente muito discutida pelos melhoristas para aumentar a variabilidade genética da cana-de-açúcar é uma melhor identificação das combinações parentais (estas envolvem as capacidades específica e geral de combinação) para criar progênies segregantes com o máximo de variabilidade genética a ser explorada em cruzamentos futuros (Mary et al., 2006). Outra forma é a introgressão de genes desejáveis de diversos outros bancos de germoplasma no *pool* gênico já conhecido da cana-de-açúcar (Wang et al., 2008). Isso possibilita que, empiricamente, a proposta de cana-de-açúcar transgênica seja melhor estudada (Bonnert et al., 2008) em futuros cruzamentos a serem realizados pelos programas de melhoramento genético.

2.16. Marcadores moleculares

Markert e Moller (1959) trabalharam com o que é considerado o primeiro marcador molecular da história: as chamadas *isoenzimas*. Este marcador foi duramente criticado na época por ter uma cobertura reduzida nos genomas em que era aplicado e por detectar um baixo número de locos, além de ser baixo o conteúdo de polimorfismo por loco (Oliveira, 2010).

As isoenzimas foram utilizadas em larga escala até a descoberta das enzimas de restrição (endonucleases), em 1960 (Linn e Arber, 1968; Scandalios, 1969). Com isso surgiram novos tipos de marcador molecular, a saber, o RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e os minissatélites, os quais permitem descobrir diferenças dos indivíduos a partir de moléculas de DNA (Grodzicker et al., 1974; Schlötterer, 2004). Esses marcadores apresentam grandes vantagens, mas são extremamente laboriosos e de alto custo, e, como envolvem muitas etapas durante suas aplicações, os resultados aparecem de forma muito lenta (Schulman, 2007; Collard e MacKill, 2008; Kalia et al., 2011).

Em 1987 surge uma técnica que revolucionaria a biologia molecular: a PCR - *Polymerase Chain Reaction* (Mullis e Faloona, 1987) – a qual permite a multiplicação de fragmentos de DNA *in vitro* em escala exponencial. Com esse novo procedimento foi possível presenciar o surgimento de novos marcadores moleculares como o SSR (*Single Sequence Repeated*), o RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), o STS (*Sequence Tagged Sites*), o ETS (*Expressed Sequence Tag*), o SCAR (*Sequence Characterized Amplified Regions*), o ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*), o AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), o SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) entre outros mais (Weiner e Hudson, 2002; Schlötterer, 2004; Schulman, 2007; Kalia et al., 2011).

O marcador molecular baseado em DNA é uma ferramenta de extrema importância para os melhoristas de plantas, pois possibilita uma série de vantagens sobre o considerado “melhoramento clássico”, como, por exemplo, caracterizar genótipos e propiciar a seleção assistida, o mapeamento de características quantitativas (QTL), diversidade genética, a caracterização de bancos de germoplasma, testes de paternidades, a construção de mapas genéticos de ligação, entre outros exemplos nas mais diversas espécies vegetais (Barbazuk et al., 2007; Bernardo e Yu, 2007; Eathington et al., 2007; Schulman, 2007; Bernardo, 2008;

Collard e Mackill, 2008). Além do mais, quando se usa essa ferramenta, o principal resultado é ela poder gerar dados sem a influência ambiental, daí a recomendação de ser utilizada em associação com o “melhoramento clássico” (Schulman, 2007; Tardin et al., 2007; Munhoz et al., 2009).

Sobre a cana-de-açúcar existem várias pesquisas com os mais diversos tipos de marcadores moleculares que enfocam os mais diferentes objetivos. Exemplos dessas pesquisas são trabalhos com isoenzimas (Orasmo e Machado, 2003); com RAPD (Silva et al., 2007; Bibi et al., 2010; Nawaz et al., 2010; Zhang et al., 2010); com SCAR (Wang et al., 2009); com RFLP (D'Hont et al., 2002; Pinto et al., 2009); com TRAP (Alwala et al., 2006; Creste et al., 2010; Andru et al., 2011); com SSR (Cordeiro et al., 2003; Selvi et al., 2003; Pan, 2006; Parida et al., 2009; Singh et al., 2010; Tew, 2010; Singh et al., 2011); com AFLP (Hoarau, et al., 2001; Selvi et al., 2005; Creste et al., 2010; McNeil et al., 2010); com SNP (Cordeiro et al., 2006b; McIntyre et al., 2009); com DArTs (Heller-Uszynska et al., 2010). Suprasanna et al., (2011) apresentam em seu trabalho uma revisão dos avanços biotecnológicos realizados pelos marcadores moleculares em cana-de-açúcar ao longo dos anos.

2.17. Marcadores moleculares microssatélites (SSR)

Os marcadores SSR (também conhecidos como STR, “*Short Tandem Repeats*” (Edwards et al., 1991) ou SSLP, “*Simple Sequence Length Polymorphism*”, (Tautz, 1989)), são sequências repetidas *in tandem* de um até seis nucleotídeos espalhadas pelo genoma do indivíduo, cujas regiões estão delimitadas por sequências conservadoras de DNA (Litt e Luty, 1989; Zane, et al., 2002). Para essas regiões é que são desenhados iniciadores específicos (*primers*) e complementares a sequência que flanqueia o microssatélite, repetindo-se lado a lado na fita de DNA no genoma eucarioto (Tautz e Renz, 1984; Litt e Luty, 1989).

Os SSRs estão presentes tanto em regiões codificantes como em não codificantes, e estão distribuídos ao longo de todo o genoma nuclear. Esses marcadores também podem ser encontrados nos genomas de cloroplastos (Provan et al., 2001; Chung et al., 2006) e das mitocôndrias (Soranzo et al., 1999; Rajendrakumar et al., 2007). Os SSRs são caracterizados por um baixo grau de

repetição por *locus* (5-100x) e são distribuídos de forma aleatória e ampla (10^4 – 10^5 x) pelo genoma (Tautz, 1993) e com alto grau de polimorfismo (Zane et al., 2002).

Microssatélites têm sido variadamente classificados, a depender do seu tamanho, do tipo da unidade de repetição e de sua localização no genoma. Conforme o número de nucleotídeo por repetição os SSRs têm sido classificados como mono-, di-, tri-, tetra-, penta- ou hexanucleotídeos (Kalia et al., 2011).

Dependendo do arranjo dos nucleotídeos nas unidades de repetição, Weber (1990) usa os termos microssatélites “*perfeitos*”, “*imperfeitos*” e “*compostos*” para classifica-los, enquanto Wang et al., (2009) classificam os microssatélites como “*simples perfeito*”, “*simples imperfeito*”, “*compostos perfeitos*” e “*compostos imperfeitos*”.

Quanto à localização deles no genoma, os microssatélites podem ser classificados como *nucleares* (nuSSR), mitocondriais (mtSSR) e cloroplásticos (cpSSR). Weising e Gardner (1999) descobriram cpSSR em *Nicotiana* (para maiores informações sobre cpSSR recomenda-se a leitura do trabalho de Ebert e Peakall, 2009). Os mtSSR foram descobertos por Soranzo et al., (1999).

Os microssatélites têm sido escolhidos por uma grande gama de pesquisados de plantas, devido à sua natureza muito variável e à extensiva cobertura no genoma. Eles estão sendo utilizados para obter variação genética em nível molecular de indivíduos que compõem um banco de germoplasma, permitindo que se faça uma escolha mais precisa no cruzamento dos parentais (Tamilkumar et al., 2009; Wang et al., 2009), o mapeamento e a localização de genes ou QTLs (“*Quantitative Trait Loci*”) (Neeraja et al., 2007; Romero et al., 2009) das características agrônômicas e resistência a doenças (Luro et al., 2008), o mapeamento genômico (Shultz et al., 2007; Shoemaker et al., 2008), seleção assistida por marcadores (MAS, “*Marker Assisted Selection*”) de linhagens promissoras e retrocruzamento assistido por marcadores (MAB, “*Marker Assisted Backcrossing*”) em programas de melhoramento genético (He et al., 2008; Lagat et al., 2008; Ruan et al., 2009), identificação de gênero sexual (Fraser et al., 2009), estudo de estrutura e taxonomia populacional e relações filogenéticas (Erre et al., 2010; Guan et al., 2010; Singh et al., 2010).

Os microssatélites também propiciam outros estudos de extrema importância aos programas de melhoramento genético, entre os quais os que mais se destacam são a análise de diversidade e a quantificação da similaridade ou dissimilaridade genética entre espécies vegetais (Romero et al., 2009; Guan et al., 2010).

Nos últimos anos, os marcadores microssatélites têm demonstrado ser uma poderosa metodologia para a estimativa da diversidade genética (variação na sequência de nucleotídeos, estrutura genética, cromossomos e genomas inteiros) e das relações filogenéticas das espécies com base na conservação da sequência, devido à sua alta eficiência, natureza codominante, reprodutibilidade e alto grau de polimorfismo (Collard et al., 2005). Os microssatélites são úteis na identificação de cultivares e também são vantajosas na análise de *pedigree* (Kalia et al., 2011).

Outra importante aplicação de microssatélites é aquela feita para a determinação do hibridismo, cuja natureza codominante desempenha um papel fundamental e permite verificar a contribuição alélica de cada pai (Powell et al., 1996).

Maiores informações sobre microssatélites podem ser vistas nas revisões sobre esse assunto de Zane et al., (2002); Wang et al., (2009); Kalia et al., (2011).

2.18. Microssatélites (SSR) em cana-de-açúcar

Muitos trabalhos utilizando microssatélites em cana-de-açúcar podem ser encontrados na literatura, com os mais variados objetivos.

Singh et al., (2009) avaliaram um determinado conjunto de microssatélites para identificar a produção de açúcar e outras características de importância na cana-de-açúcar. Em outro trabalho, Singh et al., (2011) estudaram microssatélites em cana-de-açúcar que pudessem localizar genes responsáveis pela produção de açúcar e descobrir como esses genes poderiam ser transferidos para os genomas de alguns cereais tais como: arroz, milho, sorgo e milheto.

Singh et al., (2010) realizaram estudos sobre a diversidade genética entre algumas espécies do gênero *Saccharum* (*S. barberi*, *S. spontaneum* e *S. officinarum*) com os híbridos comerciais de cana-de-açúcar. Outro estudo sobre

diversidade genética, visando identificar diferentes gêneros, foi realizado por Cordeiro et al., (2003), que revelaram a estrutura genética dos gêneros *Saccharum* e *Erianthus*, os quais muito proximamente relacionadas entre si, corroborando os resultados de pesquisas feitas anteriormente que utilizaram outros marcadores como RFLPs, RAPDs, AFLPs e 5S rDNA. Mais detalhes e informações sobre divergência genética em cana-de-açúcar, mediante o emprego de SSRs podem ser obtidos nos trabalhos de Mary et al., (2006); Selvi et al., (2008); e Chen et al., (2010).

Ao usarem 200 SSRs e AFLP, Cai et al., (2005a) evidenciaram a importância da introgressão do *Erianthus rockii* nas cultivares modernas de cana-de-açúcar devido à sua grande resistência ao frio e à seca, além de distinguirem essa espécie em questão de outras que compõem o gênero *Erianthus* e *Saccharum*. Na mesma linha de pesquisa, dessa vez utilizando DNA ribossomal e SSRs, Cai et al., (2005b) estudaram a introgressão do *E. arundinaceus* nas cultivares modernas de cana-de-açúcar, devido a sua desejada capacidade de rebrota (forma excelentes touceiras), à sua resistência a doenças e a seu excelente vigor.

Aitken et al., (2008) utilizaram mais 1.000 AFLPs e SSRs para detectar QTLs relacionados ao controle genético de características de produção de colmos (peso, altura, diâmetro, comprimento e número de colmos) em uma população de 227 indivíduos descendentes do cruzamento IJ76-514 com Q165.

Para construir um mapa genético de ligação, Aitken et al., (2007a) utilizaram 40 AFLPs e 72 SSRs, o que revelou 595 bandas polimórficas, as quais exibiram uma distribuição de frequência totalmente diferente de todos os outros mapas genéticos de cana-de-açúcar até então produzidos, tendo apenas 40% dos marcadores segregando em 1:1 (marcador simplex). Outros autores também estudaram o mapeamento genético de cana-de-açúcar (Aitken et al., 2005; Piperidis et al., 2007; Luro et al., 2008; Shoemaker et al., 2008; Andru et al., 2011).

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABE, K.; SATO, P.; SAITO, T.; KURIHARA, A.; KOTOBUTI, K. Narrow-sense heritability of fruit characters in Japanese pear. **Breeding Science**, 45:1-5, 1995.

AITKEN, K.S.; JACKSON, P.A.; McINTYRE, C.L. A combination of AFLP and SSR markers provides extensive map coverage and identification of homo(eo)logous linkage groups in a sugarcane cultivar. **Theoretical and Applied Genetics**, 110:789-801, 2005.

AITKEN, K.S.; LI, J.C.; JACKSON, P.A.; PIPERIDIS, G.; McINTYRE, C.L. AFLP analysis of genetic diversity within *Saccharum officinarum* and comparison with sugarcane cultivars. **Australian Journal of Agricultural Research**, 57:1167-1184, 2006.

AITKEN, K.S.; JACKSON, P.A.; MCINTYRE, C.L. Construction of a genetic linkage map for *Saccharum officinarum* incorporating both simplex and duplex markers to increase genome coverage. **Genome**, 50:742-756, 2007a.

AITKEN, K.S.; LI, J.; WANG, L.; QING, C.; FAN, Y.H.; JACKSON, P. Characterization of intergeneric hybrids of *Erianthus rockii* and *Saccharum* using molecular markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 54:1395-1405, 2007b.

AITKEN, K.S.; HERMANN, S.; KARNO, K.; BONNETT, G.D.; McINTYRE, C.L.; JACKSON, P.A. Genetic control of yield related stalk traits in sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, 117:1191-1203, 2008.

AITKEN, K.S.; McNEIL, M. Diversity analysis. In: HENRY, R.; KOLE, C. (Eds.). **Genetics, genomics and breeding of sugarcane**. New York, NY: Taylor & Francis Group, 2010. p. 19-42.

ALCOPAR. **Associação de produtores de bioenergia do estado do Paraná**. Disponível em: <<http://www.alcopar.org.br/>>. Acesso em: 4, julho, 2011.

ALIX, K.; PAULET, F.; GLASZMANN, J.C.; D'HONT, A. Inter-*Alu*-like species-specific sequences in the *Saccharum* complex. **Theoretical and Applied Genetics**, 99:962-968, 1999.

AL-JANABI S.M.; HONEYCUTT R.J.; SOBRAL B.W.S. Phylogenetic analysis of organellar DNA sequences in the *Andropogoneae: Saccharinae*. **Theoretical and Applied Genetics**, 88:933-944, 1994.

ALLARD, R.W. **Principles of Plant Breeding**. 2nd edition. New York, NY. John Willey & Sons, INC. 1999. 254p.

ALWALA, S.; SUMAN, A.; ARRO, J.A.; VEREMIS, J.C.; KIMBENG, C.A. Target region amplification polymorphism (TRAP) for assessing genetic diversity in sugarcane germplasm collections. **Crop Science Society of America**, 46:448-455, 2006.

ANDRADE, S.N.; ANDRADE, J.N. **Agroindústria canavieira na Bahia**. Recife, PE: SUDENE - Div. Documentação, 1969. 73p.

ANDRU, S.; PAN, Y.-B.; THONGTHAWEE, S.; BURNER, D.M.; KIMBENG, C.A. Genetic analysis of the sugarcane (*Saccharum* spp.) cultivar "LCP 85-384". I. Linkage mapping using AFLP, SSR, and TRAP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, 123, (*in press*):77-93, 2011.

ARCENEUX, G. Cultivated sugarcane of the world and their botanical derivation. In: XII PROCEEDING OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the International Society of Sugarcane Technologists** San Juan, 1967. p.844-854.

ARRUDA, S.C. **A história das grandes epifíticas da cana-de-açúcar**. São Paulo, SP: O Biológico. 7. ed., 1941. p. 313-318.

BABU, C.N. **Sugar Cane**. Mayapuri, New Delhi: Allied Publishers Limited, 1990. 252p.

BACCHI, O.O.S. **Ecofisiologia da cana-de-açúcar**. Piracicaba, SP: IAA/PLANALSUCAR, 1985. 20p.

BARBAZUK, W.B.; EMRICH, S.J.; CHEN, H.D.; LI, L.; SCHNABLE, P.S. SNP discovery via 454 transcriptome sequencing. **The Plant Journal**, 51:910-918, 2007.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Estratégias de melhoramento genético da cana-de-açúcar em universidades. In:

ANAIS DO IX SIMPÓSIO SOBRE SELEÇÃO RECORRENTE. **Anais do IX Simpósio Sobre Seleção Recorrente** Lavras, MG: UFLA, 2005. p. 43-57.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Melhoramento Genético e Recomendação de Cultivares. In: SANTOS, F. BORÉM, A.; CALDAS, C. (Eds.). **Cana-de-açúcar: Bioenergia, açúcar e álcool – tecnologias e perspectivas**. 1. ed. Viçosa, MG: UFV, 2010. 577p.

BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BURNQUIST, W.L.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, F.L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, 62:199-206, 2003.

BAUDOUIIN, L.; BARIL, C.; CLEMENTDEMANGE, A.; LEROY, .T.; PAULIN, D. Recurrent selection of tropical tree crops. **Euphytica**, 96:101-114, 1997.

BEAUMONT, M.A.; IBRAHIM, K.M.; BOURSOT, P.; BRUFORD, M.W. Measuring genetic distance. In: KARP, A. (Ed.). **Molecular tools for screening biodiversity**. London, UK: Chapman and Hall, 1998. p. 315-325.

BENCHIMOL, L.L.; SOUZA JUNIOR, C.L.; GARCIA, A.A.F.; KONO, P.M.S.; MANGOLIN, C.A.; BARBOSA, A.M.M.; COELHO, A.S.G.; SOUZA, A.P. Genetic diversity in tropical maize inbred lines: heterotic group assignment and hybrid performance determined by RFLP markers. **Plant Breeding**, 119:491-496, 2000.

BERDING, N.; ROACH, B.T. Germplasm collection, maintenance and use. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam, Netherlands: Elsevier Academic Press, 1987. p. 143-210.

BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. **Crop Science**, 36: 50-56, 1996.

BERNARDO, R. Parental selection, number of breeding populations, and size of each population in inbred development. **Theoretical and Applied Genetics**, 107:1252-1256, 2003.

BERNARDO, R.; YU, J. Prospects for genome wide selection for quantitative traits in maize. **Crop Science**, 47:1082-1090, 2007.

- BERNARDO, R. Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. **Crop Science**, 48:1649-1664, 2008.
- BESSE, P.; McINTYRE, C.L.; BERDING, N. Characterization of *Erianthus* sect. *Ripidium* and *Saccharum* germplasm (*Andropogoneae* – *Saccharinae*) using RFLP markers. **Euphytica**, 93:283-292, 1997.
- BESSE, P.; McINTYRE, C.L. Chromosome *in situ* hybridization of ribosomal DNA in *Erianthus* sect. *Ripidium* species with varying chromosome numbers confirms $x = 10$ in *Erianthus* sect. *Ripidium*. **Genome**, 42:270-273, 1999.
- BIBI, S.; KHAN, I.A.; KHATRI, A.; YASMIN, S.; SEEMA, N.; ARAIN, S.A.; ARAIN, M.A. Screening of mutated population of sugarcane through RAPD. **Pakistan Journal of Botany**, 42:3765-3773, 2010.
- BONATO, A.L.V.; CALVO, E.S.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; GERALDI, I.O. Prediction of genetic variability through AFLP-based measure of genetic distance in soybean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 6:30-39, 2006.
- BONNETT, G.D.; CASU, R.E.; RAE, A.; GROF, C.; GLASSOP, D.; McINTYRE, C.L.; MANNERS, J. Identification of genes contributing to high sucrose accumulation in sugarcane. In: PROCEEDINGS OF THE 4th INTERNATIONAL CROP SCIENCE CONGRESS BRISBANE AUSTRALIA. **Proceedings of the 4th International Crop Science Congress Brisbane, Australia**. Brisbane, Australia: The Regional Institute Ltd., 2004. p. 1-8.
- BONNETT, G.D.; NOWAK, E.; OLIVARES-VILLEGAS, J.J.; BERDING, N.; MORGAN, T.; AITKEN, K.S.; Identifying the risks of transgene escape from sugarcane crops to related species, with particular reference to *Saccharum spontaneum* in Australia. **Tropical Plant Biology**, 1:58-71, 2008.
- BRAGA JÚNIOR, R.L.C.; SORDI, R.A. Evolução das áreas cultivadas com variedades SP de cana-de-açúcar nos últimos cinco anos. In: 6^o CONGRESSO NACIONAL DA STAB. **Anais do 6^o Congresso Nacional da Stab**. Maceió, AL: 1996. p. 230-237.

BRANDES, E. W. Origin, dispersal, and use in breeding of the Melanesian garden sugarcane and their derivatives, *Saccharum officinarum* L. In: PROCEEDINGS OF THE IX INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the IX International Society of SugarCane Technologists**. New Delhi, India. 1956. p .1004-1013.

BREAUX, R.D. Some breeding strategies with bi-parental and polycrosses. In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP. **Proceedings of the Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1987. p. 75-86.

BREMER, G. Problems in breeding and cytology of sugar cane. **Euphytica**, 10:59-78, 1961.

BRESSIANI, J.A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. Piracicaba: Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz, 2001. 104p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

BROWN, J.S.; SCHNELL, R.J.; TAI, P.Y.P.; MILLER, J.D. Phenotypic evaluation of *Saccharum barberi*, *S. robustum*, and *S. sinense*. **Sugarcane International - The Journal of Cane Agriculture**, 1:3-16, 2002.

BURNQUIST, W.L.; SORRELLES, M.E.; TANKSLEY, S.D. Characterization of genetic variability in *Saccharum* germplasm by means of restriction fragment length polymorphism (RFLP) analysis. In: XXII PROCEEDINGS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the XXII International Society Of Sugar Cane Technologists**. Carthagena, Colombia. 1995. p. 355-365.

CADENA-MENESES, J.A.; CASTILLO-MORALLES, A. Una comparación de la estimación de componentes de varianza mediante simulación. **Agrociencia**, 34:343-352, 2000a.

CADENA-MENESES, J.A.; CASTILLO-MORALLES, A. A comparison of SAS and Harvey in variance component estimation in mixed models. **Agrociencia**, 34:57-68, 2000b.

CADENA-MENESES, J.A.; CASTILLO-MORALLES, A. Uso de MTGSAM y muestreo de Gibbs en la estimación de componentes de varianza using MTGSAM and Gibbs sampling in variance components estimation. **Agrociencia**, 36:345-354, 2002.

CAI, Q.; AITKEN, K.S.; FAN, Y.; PIPERIDIS, G.; JACKSON, P.A.; McINTYRE, C.L. A preliminary assessment of the genetic relationship between and the “complex” using microsatellite (SSR) and AFLP markers. **Plant Science**, 169:976-984, 2005a.

CAI, Q.; AITKEN, K.S.; DENG, H.H.; CHEN, X.W.; FU, C.; JACKSON, P.A.; McINTYRE, C.L. Verification of the introgression of *Erianthus arundinaceus* germplasm into sugarcane using molecular markers. **Plant Breeding**, 124:322-328, 2005b.

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYAMA, N.S.; Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Eds.). **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. p. 11-93.

CALIJA, V.; HIGGINS, A.J.; JACKSON, P.A.; BIELIG, L.M.; COOMANS, D. An operations research approach to the problem of the sugarcane selection. **Annals of Operations Research**, 108:123-142, 2001.

CÂNDIDO, L.S.; PERECIN, D.; LANDELL, M.G.A.; PAVAN, B.E. Análise de vizinhança na avaliação de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 44:1304-1311, 2009.

CASAGRANDE, A.A. **Tópicos de morfologia e fisiologia da cana-de-açúcar**. Jaboticabal, SP: FUNEP, 1991. 157p.

CASTRO, P.R.C.; KLUGE, R.A. **Ecofisiologia das culturas extrativas: cana-de-açúcar, seringueira, coqueiro, dendezeiro e oliveira**. Cosmópolis, SP: Stoller do Brasil, 2001. 138p.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. 1. ed. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2004. 307p.

CHEN, P.H.; PAN, Y.-B.; CHEN, R.-K.; XU, L.-P.; CHEN, Y.-Q. SSR marker-based analysis of genetic relatedness among sugarcane cultivars (*Saccharum* spp. hybrids)

from breeding programs in China and other countries. **Sugar Tech**, 11:347-354, 2010.

CHUNG, S.-M.; STAUB, J.E.; CHEN, J.-F. Molecular phylogeny of *Cucumis* species as revealed by consensus chloroplast SSR marker length and sequence variation. **Genome**, 49:219-229, 2006.

CIIAGRO. **Centro Integrado de Informações Agrometeorológicas**. Disponível em: <www.ciiagro.sp.gov/zoneamento/Mapa_cana.jpg>. Acesso em: 7, junho, 2011.

COLLARD, B.C.Y.; JAHUFER, M.Z.Z.; BROUWER, J.B.; PANG, E.C.K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. **Euphytica**, 142:169-196, 2005.

COLLARD, B.C.Y.; MacKILL, D.J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. **Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences**, 363:557-572, 2007.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento - Acompanhamento da Safra Brasileira: Cana-de-açúcar Safra 2011/2012, Segundo Levantamento, Agosto/2011**. Brasília, DF: CONAB, 2011. 21p.

CORDEIRO, G.M.; PAN, Y.-B.; HENRY, R.J. Sugarcane microsatellites for the assessment of genetic diversity in sugarcane germplasm. **Plant Science**, 165:181-189, 2003.

CORDEIRO, G.M.; ELIOTT, F.G.; HENRY, R.J. An optimized ecotilling protocol for polyploids or pooled samples using a capillary electrophoresis system. **Analytical Biochemistry**, 355:145-147, 2006a.

CORDEIRO, G.M.; ELIOTT, F.G.; McINTYRE, C.L.; CASU, R.E.; HENRY, R.J. Characterization of single nucleotide polymorphisms in sugarcane ESTs. **Theoretical and Applied Genetics**, 113:331-343, 2006b.

CORDEIRO, G.M.; AMOUYAL, O.; ELIOTT, F.G.; HENRY, R.J. Sugarcane. In: KOLE, C. R. (Ed.). **Pulses, sugar and tuber crops (genome mapping and molecular breeding in plants)**. 3. ed. Heidelberg, Germany: Springer Berlin Heidelberg, 2007. p. 175-204.

CORNELLIUS, J. Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees. **Canadian Journal of Forestry Research**, 24:371-379, 1994.

CORRÊA, M.P.; PENNA, L. **Dicionário das plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas**. Rio de Janeiro, RJ: Instituto Brasileiro de Defesa Florestal, 1984. 4200p.

CORTE-BRILHO, F.F.; GIRARD, G.C.L.; CALHEIROS, G.G. **Treinamento de especialização sobre a cultura da cana-de-açúcar para Agrônomos: Melhoramento**. Maceio, AL: IAA/PGMCA – Coordenadoria Regional Nordeste, 1981. 30p.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M. The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program. In: PROCEEDINGS OF X AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE. **Proceedings of the X Australian Plant Breeding Conference**. Canberra, Australia, 1993. p. 77-82.

COX, M.C.; STRINGER, J.K. Efficacy of early generation selection in a sugarcane improvement program. In: PROCEEDINGS OF XX AUSTRALIAN SOCIETY SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the XX Australian Society Sugarcane Technologists**. Brisbane, Australia. 1998. p. 148-53.

CRESTE, S.; SANSOLI, D.M.; TARDIANI, A.C.S.; SILVA, D.N.; GONÇALVES, F.K.; FÁVERO, T.M.; MEDEIROS, C.N.F.; FESTUCCI, C.S.; CARLINI-GARCIA, L.A.; LANDELL, M.G.A.; PINTO, L.R.; Comparison of AFLP , TRAP and SSRs in the estimation of genetic relationships in sugarcane. **Sugar Tech**, 12:150-154, 2010.

CRONQUIST, A. **An integrated system of classification of flowering plants**. New York, NY: Columbia University Press, 1981. 1262p.

DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution in sugarcane. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam, Netherlands: Elsevier Press, 1987. p. 7-84.

DAROS, E.; ZAMBON, J.L.C. **Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar em dois cortes – Séries RB84 e RB85**. 2. ed. Curitiba, PR: Relatório Técnico, UFPR, 1998. 147p.

De KOEYER, D.L.; STUTHMAN, D.D.; FULCHER, R.G; POMERANKE, G.J Effects of recurrent selection for grain yield on oat kernel morphology. **Crop Science**, 33:924-928, 1993.

DEMPSTER, A.P.; LAIRD, N.M.; RUBIN, D.B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistical Society**, 39:1-38, 1977.

DILLON, S.L.; SHAPTER, F.M.; HENRY, R.J.; CORDEIRO, G.M.; IZQUIERDO, L.; LEE, L.S. Domestication to crop improvement: genetic resources for *Sorghum* and *Saccharum* (*Andropogoneae*). **Annals of Botany**, 100:975-989, 2007.

DIOLA, V.; SANTOS, F. Fisiologia. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Eds.). **Cana-de-açúcar: bioenergia, açúcar e álcool – Tecnologias e perspectivas**. 1. ed. Viçosa, MG: UFV, 2010. 577p.

DUTT, N.L.; RAO, J.T. The present taxonomic position of *Saccharum* and its congeners. In: PROCEEDING OF THE VII INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the VII International Society of Sugarcane Technologists**. Brisbane, Australia. 1950. p. 287-293.

D'HONT, A.; LU, Y.H.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J.C. Cytoplasmic diversity in sugar cane revealed by heterologous probes. In: PROCEEDINGS WEST INDIES SUGAR TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the West Indies Sugar Technologists**. Belize, Belize. 1993. p. 12-15.

D'HONT, A.; RAO, P.S.; FELDMANN, P.; GRIVET, L.; ISLAM-FARIDI, N.; TAYLOR, P.; GLASZMANN, J.C. Identification and characterization of sugarcane intergeneric hybrids, *Saccharum officinarum* x *Erianthus arundinaceus*, with molecular markers and DNA *in situ* hybridization. **Theoretical and Applied Genetics**, 91:320-326, 1995.

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; RAO, P.S.; BERDING, N.; GLASZMANN, J.C. Characterization of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. **Molecular & General Genetics**, 250:405-413, 1996.

D'HONT, A.; ISON, D.; ALIX, K.; ROUX, C.; GLASZMANN, J.C.; Determination of basic chromosome numbers in the genus *Saccharum* by physical mapping of ribosomal RNA genes. **Genome**, 41:221-225. 1998.

D'HONT, A.; PAULET, F.; GLASZMANN, J.C. Oligoclonal interspecific origin of "North Indian" and "Chinese" sugarcane. **Chromosome Research**, 10:253-262, 2002.

D'HONT, A. Unraveling the genome structure of polyploids using FISH and GISH: examples of sugarcane and banana. **Cytogenetic and Genome Research**, 109:27-33, 2005.

D'HONT, A.; SOUZA, G.M.; MENOSSI, M.; VINCENTZ, M.; VAN-SLUYS, M.-A.; GLASZMANN, J.C.; ULIAN, E.C. Sugarcane: a major source of sweetness, alcohol and bio-energy. In: MOORE, P.H.; MING, R. (Eds.). **Genomics of tropical crop plants - Vol.1**. 1. ed. New York, NY: Springer New York, 2008. p. 483-513.

EATHINGTON, S.R.; CROSBIE, T.M.; EDWARDS, M.D.; REITER, R.S.; BULL, J.K. Molecular markers in a commercial breeding program. **Crop Science**, 47:S154-S163, 2007.

EBERT, D.; PEAKALL, R. Chloroplast simple sequence repeats (cpSSRs): technical resources and recommendations for expanding cpSSR discovery and applications to a wide array of plant species. **Molecular Ecology Resources**, 9:673-690, 2009.

EDWARDS, A.; CIVITELLO, A.; HAMMOND, H.A.; CASKEY, C.T. DNA typing and genetic mapping with trimetric and tetramer tandem repeats. **The American Journal of Human Genetics**, 49:746-756, 1991.

EDWARDSON, J.R. Cytoplasmic male sterility. **The Botanical Review**, 36:341-420. 1970.

EISENBERG, P.L. **Modernização sem mudança: a indústria açucareira em Pernambuco 1840-1910**. 1. ed. Rio de Janeiro, RJ: Paz e Terra, 1977. 294p.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro, RJ: EMBRAPA - Solos, 1999. 412p.

EMBRAPA. **Zoneamento agroecológico da cana-de-açúcar**. Rio de Janeiro, RJ: EMBRAPA - Solos, 2009. 55p.

EPA. **United States Environmental Protection Agency**. Disponível em: <www.epa.gov>. Acesso em: 4, julho, 2011.

ERRE, P.; CHESSA, I.; MUÑOZ-DIEZ, C.; BELAJ, A.; RALLO, L.; TRUJILLO, I. Genetic diversity and relationships between wild and cultivated olives (*Olea europaea* L.) in Sardinia as assessed by SSR markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 57:41-54, 2010.

ETHIRAJAN, A.S. Sugarcane hybridization techniques. In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP. **Proceeding of the Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1987. p. 129-47.

FALCONER, D.S.; MacKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, 1996. 480p.

FAO. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Acesso em: 21, setembro, 2011.

FEDERIZZI, L.C. Estrutura de um programa de melhoramento de plantas e possíveis aplicações de marcadores moleculares: visão do melhorista. In: MILACH, S.C.K. (Ed.). **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre, RS: UFRGS, 1998. p. 3-15.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York, NY. Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

FELSENSTEIN, J. Distance methods for inferring phylogenies: A justification. **Evolution**, 38:16-24, 1984.

FERNANDES, A.C.; IRVINE, J.E. The Brazilian sugar and alcohol agroindustry. In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP. **Proceeding of the Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1987. p. 233-247.

FERNANDES, A.C.; MACHADO JÚNIOR, G.R.; SORDI, R.A.; RAIZER, A.J.; BENTO, M.I.C.; MENDONÇA, J.R. Recomendações para o cultivo da terceira geração de variedades SP. In: V SEMINÁRIO DE TECNOLOGIA AGRONÔMICA. **Anais do V Seminário de Tecnologia Agronômica**. Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1991. p. 35-60.

FIGUEIREDO, P. Breve história da cana-de-açúcar e do papel do Instituto Agrônomo no seu estabelecimento no Brasil. In: DINARDO-MIRANDA, L.L. VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A. (Eds.). **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agrônomo de Campinas, 2008. p. 31-44.

FISHER, R.A. The arrangement of field experiments. **Journal of the Ministry of Agriculture of Great Britain**, 33:503-513, 1926.

FOULLEY, J.-L.; DYK, D.A.; The PX-EM algorithm for fast stable fitting of Henderson's mixed model. **Genetics Selection Evolution**, 32:143-163, 2000.

FRANÇA, S.C.; ROBERTO, P.G.; MARINS, M.A. PUGA, R.D.; RODRIGUES, A.; PEREIRA, J. O. Biosynthesis of secondary metabolites in sugarcane. **Genetics and Molecular Biology**, 24:243-250, 2001.

FRASER, L.G.; TSANG, G.K.; DATSON, P.M.; SILVA, H.N. de; HARVEY, C.F.; GILL, G.P.; CROWHURST, R.N.; McNEILAGE, M.A. A gene-rich linkage map in the dioecious species *Actinidia chinensis* (kiwifruit) reveals putative X/Y sex-determining chromosomes. **BMC genomics**, 10:102-116, 2009.

GASCHO, G.J.; SHIH, S.F. Sugarcane. In: TEARE, I.D.; PEET, M.M. (Eds.). **Crop-water relations**. 1. ed. New York, NY: John Wiley & Sons, 1983. 547p.

GILMOUR, A.R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B.R. Average information REML: an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**, 51:1440-1450, 1995.

GLASZMANN, J.C.; FAUTRET, A.; NOYER, J.L.; FELDMAN, P.; LANAUD, C. Biochemical genetic markers in sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, 78:537-543, 1989.

GLASZMANN, J.C.; LU, Y.H.; LANAUD, C. Variation of nuclear ribosomal DNA in sugarcane. **Journal of Genetics Breeding**, 44:191-198, 1990.

GLAZ, B.; EDMÉ, S.J.; MILLER, J.D.; MILLIGAN, S.B.; HOLDER, D.G. Sugarcane cultivar response to high summer water tables in the everglades. **Agronomy Journal**, 94:624-629, 2002.

GODDARD, M.E. A mixed model for analysis of data on multiple genetic markers. **Theoretical and Applied Science**, 83:878-886, 1992.

GRANDE, J.C.P. **O assucar**. Belo Horizonte, MG: Secretaria de Agricultura de Minas Gerais, 1933. 175p.

GRASER, H.U.; SMITH, S.P.; TIER, B. A derivative free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, 64:1362-1370, 1987.

GRIVET, L.; DANIELS, C.; GLASZMANN, J.C.; D'HONT, A. A review of recent molecular genetics evidence for sugarcane evolution and domestication. **Ethnobotany Research Applications**, 2:9-17, 2004.

GRIVET, L.; GLASZMANN, J.C.; D'HONT, A. Molecular evidences for sugarcane evolution and domestication. In: MOTLEY, T.J.; ZEREGA, N.; CROSS, H. (Eds.). **Darwin's harvest. New approaches to the origins, evolution, and conservation of crops**. New York, NY: Columbia University Press, 2006. p. 49-66.

GRODZICKER, T.; WILLIAMS, J.; SHARP, P.; SAMBOOK, J. Physical mapping of temperature-sensitive mutations adenoviruses. **Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology**, 39:439-446, 1974.

GUAN, R.; CHANG, R.; LI, Y.; WANG, L.; LIU, Z.; QIU, L. Genetic diversity comparison between chinese and japanese soybeans (*Glycine max* (L.) Merr.) revealed by nuclear SSRs. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 57:229-242, 2010.

GUIMARÃES, E.P.; FEHR, W.R. Alternative strategies of recurrent selection for seed yield of soybean. **Euphytica**, 40:111-119, 1989.

HARVILLE, D.A.; CARRIQUIRY, A.L. Classical and Bayesian prediction as applied to unbalanced mixed linear models. **Biometrics**, 48:987-1003, 1992.

HAYES, J.F.; HILL, W.G. A reparameterization of a genetic selection index to locate its sampling properties. **Biometrics**, 36:237-248, 1980.

HE, X.Y.; ZHANG, Y.L.; HE, Z.H.; WU, Y.P.; XIAO, Y.G.; MA, C.X.; XIA, X.C.; Characterization of photogene synthase 1 gene (Psy1) located on common wheat chromosome 7A and development of a functional marker. **Theoretical and Applied Genetics**, 116:213-221, 2008.

HEINZ, D.J.; TEW, T.L. Hybridization procedures. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier Academic Press, 1987. p. 313-342.

HELLER-USZYNSKA, K.; USZYNSKI, G.; HUTTNER, E.; EVERS, M.; CARLIG, J.; CAIG, V.; AITKEN, K.S.; JACKSON, P.; PIPERIDIS, G.; COX, M.C.; GILMOUR, R.; D'HONT, A.; BUTTERFIELD, M.; GLASZMANN, J.C.; KILIAN, A. Diversity arrays technology effectively reveals DNA polymorphism in a large and complex genome of sugarcane. **Molecular Breeding**, 28:37-55, 2010.

HENDERSON, C.R. Estimates of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, 32:706, 1949. (*Abstracts*).

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; KROSIGK, C.M. von. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, 15:192-218, 1959.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J.LUSH. **Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J.Lush**. Champaign, IL: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

HENDERSON, C.R. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, 57:963-972, 1974.

HENDERSON, C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, 38:623-640, 1982.

HENRY, R.J. Basic Information on the sugarcane plant. In: HENRY, R.J.; KOLE, C. (Eds.). **Genetics, genomics and breeding of crop plants**. New York, NY: Science Publishers, 2010. 264p.

HOARAU, J.-Y.; OFFMANN, B.; D'HONT, A.; ROQUES, D.; RISTERUCCI, A.-M.; GLASZMANN, J.C.; GRIVET, L. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum* spp.). I. Genome mapping with AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, 103:84-97, 2001.

HODKINSON, T.R.; CHASE, M.W.; LLEDÓ, M.D.; SALAMIN, N.; RENVOIZE, S.A. Phylogenetics of *Miscanthus*, *Saccharum* and related genera (*Saccharinae*, *Andropogoneae*, *Poaceae*) based on DNA sequences from ITS nuclear ribosomal DNA and plastid trnL-intron and trnL-F intergenic spacers. **Journal of Plant Research**, 115:381-392, 2002.

HOGARTH, D.M.; WU, K.K.; HEINZ, D.J. Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross design. **Crop Science**, 21:21-25, 1981.

IAPAR. **Instituto Agrônomo do Paraná**. Disponível em: <www.iapar.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=595>. Acesso em: 7, junho, 2011.

IBGE. **Sistema IBGE de Recuperação Automática – SIDRA**. Disponível em: <www.sidra.ibge.gov.br>. Acesso em: 4, julho, 2011.

IEA. **International Energy Agency**. Disponível em: <www.iea.org>. Acesso em: 4, julho, 2011.

IRVINE, J.E. *Saccharum* species as horticultural classes. **Theoretical and Applied Genetics**, 98:186-194, 1999.

JACCARD, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles**, 44:223-270, 1908.

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

JAMES, G. An introduction to sugarcane. In: JAMES, G. (Ed.). **Sugarcane**. 2. ed. Sparks, Oxford: Blackwell Science Ltd, 2004. 216p.

JANNOO, N.; GRIVET, L.; SEGUIN, M.; PAULET, F.; DOMAINGUE, R.; RAO, P.S.; DOOKUN, A.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C. Molecular investigation of the genetic base of sugarcane cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, 99:171-184, 1999.

JOHNSON, D.L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. **Journal of Dairy Science**, 78:449-456, 1995.

JONES, C.A. **C4 Grasses and Cereals: Growth, Development, and Stress Response**. John Wiley & Sons, Toronto. 1985. 419p.

JORDÃO JÚNIOR, H. **Desenvolvimento de um sistema baseado em marcadores moleculares do tipo microssatélites para identificação de variedades de cana-de-açúcar**. Campinas, SP: UNICAMP, 2009. 106p. Dissertação (Mestrado em Biologia Funcional e Molecular).

JUNQUEIRA, A.A.B.; DANTAS, B. A cana-de-açúcar no Brasil. In: MALAVOLTA, E. (Ed.). **Cultura e adubação da cana-de-açúcar**. 1. ed. São Paulo, SP: Instituto Brasileiro de Potassa, 1964. p. 27-60.

KALIA, R.K.; RAI, M.K.; KALIA, S.; SINGH, R.; DHAWAN, A.K. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, 177:309-334, 2011.

KIMBENG, C.A.; McRAE, T.A.; STRINGER, J.K. Gains from family and visual selection in sugarcane, particularly for heavily lodged crops in the Burdekin region. In: PROCEEDINGS AUSTRALIAN SOCIETY SUGARCANE TECHNOLOGISTS; **Proceedings of the Australian Society Sugarcane Technologists**. Bundaberg, Queensland, Australia, 2000. p. 163-169.

KIMBENG, C.A.; FROYLAND, D.; APPO, D.; CORCORAN, A.; HETHERINGTON, M. An appraisal of early generation selection in the central Queensland sugarcane improvement program. In: PROCEEDINGS AUSTRALIAN SOCIETY SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the Australian Society Sugarcane Technologists**. Coimbatore, India, 2001. p. 129-135.

- KIMBENG, C.A.; COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: A review. **Journal American Society of Sugarcane Technologists**, 23:20-39, 2003.
- KOEHLER, P.H.; MOORE, P.H.; JONES, C.A.; CRUZ, A.D.; MARETZKI, A. Response of drip-irrigated sugarcane to drought stress. **Agronomy Journal**. 74:906-911, 1982.
- KOLTUNOW, A.M. Apomixis: Embryos sacs formed without meiosis or fertilization in ovules. **The Plant Cell**, 5:1425-1437, 1993.
- KORTSCHAK, H.P.; HARRT, C.E.; BURR, G.O. Carbon dioxide fixation in sugarcane leaves. **Plant Physiology**. 40:209-213, 1965.
- LAGAT, M.; DANSON, J.; KIMANI, M.; KURIA, A. Quantitative trait loci for resistance to maize streak virus disease in maize genotypes used in hybrid development. **African Journal of Biotechnology**, 7:2573-2577, 2008.
- LANDELL, M.G.A.; ALVAREZ, R.; ZIMBACK, L.; CAMPANA, M.P.; SILVA, M.A.; NOVA, J.C.V.; PEREIRA, A.; PERECIN, D.; GALLO, P.B.; MARTINS, A.L.M.; KANTHACK, R.A.D.; FIGUEIREDO, P.; VASCONCELOS, A.C.M. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em Latossolo Roxo da região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, 58:269-80, 1999.
- LASCANO, O.G.; MARIOTTI, J.A. Estudio sobre las porcentagens de seleccion como método para evaluar progenitores em caña de azucar. **Rev. Industrial y Agrícola de Tucumán**, 46:1-19, 1969.
- LIMA, M.L.A.; GARCIA, A.A.F.; OLIVEIRA, K.M.; MATSUOKA, S.; ARIZONO, H.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; SOUZA, A.P. Analysis of genetic similarity detected by AFLP and coefficient of parentage among genotypes of sugarcane (*Saccharum* spp.). **Theoretical and Applied Genetics**, 104:30-38, 2002.
- LINN, S.; ARBER, W. Host specificity of DNA produced by *Escherichia coli*, X. *In vitro* restriction of phage fd replicative form. **Proceeding of the National Academy of Sciences**, 59:1300-1306, 1968.

LIPPMANN, E.O. **História do açúcar**. Rio de Janeiro, RJ: Instituto do Açúcar e do Alcool - IAA, 1942. 40p.

LITT, M.; LUTY, J.A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **American Journal of Human Genetics**, 44:397-401, 1989.

LITTELL, R.C. Analysis of unbalanced mixed model data: a case study comparison of ANOVA versus REML/GLS. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, 7:472-491, 2002.

LU, Y.H.; D'HONT, A.; WALKER, D.I.T.; RAO, P.S.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J.C. Relationships among ancestral species of sugarcane revealed with RFLP using single copy maize nuclear probes. **Euphytica**, 78:7-18, 1994.

LURO, F.L.; COSTANTINO, G.; TEROL, J.; ARGOUT, X.; ALLARIO, T.; WINCKER, P.; TALON, M.; OLLITRAULT, P.; MORILLON, R. Transferability of the EST-SSRs developed on Nules clementine (*Citrus clementina* Hort ex Tan) to other Citrus species and their effectiveness for genetic mapping. **BMC genomics**, 9:287-299, 2008.

MACHADO JÚNIOR, G.R.; SILVA, W.M.; IRVINE, J.E. Sugarcane breeding in Brazil: The COPERSUCAR Program. In: COPERSUCAR INTERNATIONAL BREEDING WORKSHOP. **Proceedings of the Copersucar International Breeding Workshop**. Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1987. p. 217-232.

MANNERS, J.; McINTYRE, C.L.; CASU, R.E.; CORDEIRO, G.M.; JACKSON, M.; AITKEN, K.S.; JACKSON, P.; BONNETT, G.D.; LEE, L.S.; HENRY, R.J. Can genomics revolutionize genetics and breeding in sugarcane? In: TURNER, N.; ANGUS, J.; McINTYRE, C.L.; ROBERTSON, M.; BORRELL, A.; LLOYD, D. (Eds.). PROCEEDINGS OF THE 4th INTERNATIONAL CROP SCIENCE CONGRESS BRISBANE AUSTRALIA. **Proceedings of the 4th International Crop Science Congress Brisbane Australia**. Brisbane, Australia: The Regional Institute Ltd., 2004. p. 1-5.

MAPA. **Portaria Nº 54 de 16/04/2009**. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. 2009.

MARKERT, C.L.; MOLLER, F. Multiple forms of enzymes: tissue ontogenetic and species-specific patterns. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 45:753-763, 1959.

MARY, S.; NAIR, N.V.; CHATURVEDI, P.K.; SELVI, A. Analysis of genetic diversity among *Saccharum spontaneum* L. from four geographical regions of India, using molecular markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 53:1221-1231, 2006.

MATSUOKA, S. O programa de variedades de cana-de-açúcar do PLANALSUCAR. **Brasil Açucareiro**, 106:3-10, 1988.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento de cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 205-251.

Mc MARTIN, A. The role of the portuguese in the early establishment of cane sugar industries. **Agronomia Moçambicana**, 5:211-218, 1971.

McCORMICK, A.J.; CRAMER, M.D.; WATT, D.A. Sink strength regulates photosynthesis in sugarcane. **The New phytologist**, 171:759-770, 2006.

McINTYRE, C.L.; JACKSON, M.; CORDEIRO, G.M.; AMOUYAL, O.; HERMANN, S.; AITKEN, K.S.; ELIOTT, F.G.; HENRY, R.J.; CASU, R.E.; BONNETT, G.D. The identification and characterization of alleles of sucrose phosphate synthase gene family III in sugarcane. **Molecular Breeding**, 18:39-50, 2006.

McINTYRE, C.L.; GOODE, M.; MONKS, T.; BONNETT, G.D. The complex genetic structure of sugarcane limits identification of additional SNP-defined simplex alleles in microsatellite loci. **Tropical Plant Biology**, 2:133-1342, 2009.

McNEIL, M.D.; HERMANN, S.; JACKSON, P.A.; AITKEN, K.S. Conversion of AFLP markers to high-throughput markers in a complex polyploid, sugarcane. **Molecular Breeding**, 27:395-407, 2010.

MELO, L.J.O.T.; OLIVEIRA, F.J.; BASTOS, G.Q.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C.J.; REIS, O.V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, 65:197-205, 2006.

MILLER, J.D.; TAI, P.Y.P. Use of plant introductions in sugarcane cultivar development. In: SHANDS, H.L.; WIESNER, L.E. (Eds.). **Use of plant introductions in cultivar development. Part 2.** Madison, WI: Crop Science Society of America, 1992. p. 137-149.

MING, R.; DEL MONTE, T.A.; HERNANDEZ, E.; MOORE, P.H.; IRVINE, J.E.; PATERSON, A.H. Comparative analysis of QTLs affecting plant height and flowering among closely-related diploid and polyploids genomes. **Genome**, 45: 794-803, 2002.

MING, R.; MOORE, P.H.; WU, K.-K.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.C.; TEW, T.L.; MIRKOV, T.E.; SILVA, J. da; JIFON, J.; RAI, M.; SCHNELL, R.J.; BRUMBLEY, S.M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J.C.; PATERSON, A.H. Sugarcane improvement through breeding and biotechnology. In: JANICK, J. (Ed.). **Plant Breeding Reviews Vol 27.** Indianapolis, IN: John Wiley & Sons, Inc., 2006. p. 15-118.

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M. Analysis of genetic diversity in crop plants - salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, 43:1235-1248, 2003.

MOORE, P.H. Physiology and control of flowering. In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP. **Proceedings of the Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop.** Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1987. p. 103-127.

MOORE, P.H.; COSGROVE, D.J. Developmental changes in cell and tissue water relations parameters in storage parenchyma of sugarcane. **Plant Physiology**. 96:794-801. 1991.

MORA, F.; SANTOS, A.I.; SCAPIM, C.A. Mapping quantitative trait loci (QTLs) using a multivariate approach. **Ciencia e Investigación Agraria**, 35:137-145, 2008.

MUCHOW, R.C.; ROBERTSON, M.J.; WOOD, A.W.; KEATING, B.A. Effect of nitrogen on the time course of sucrose accumulation in sugarcane. **Field Crops Research**. 47:143-153, 1996.

MUKHERJEE, S.K. Origin and distribution of *Saccharum*. **Botanical Gazette**, 119:55-61, 1957.

MULLIS, K.B.; FALOONA, F.A. Specific synthesis of DNA *in vitro* via a polymerase-catalysed chain reaction. **Methods in Enzymology**, 155:335-350, 1987.

MUNHOZ, R.E.F.; PRIOLI, A.J.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SCAPIM, C.A.; SIMON, G.A. Genetic distances between popcorn populations based on molecular markers and correlations with heterosis estimates made by diallel analysis of hybrids. **Genetics and Molecular Research**, 8:951-962, 2009.

NAIDU, K.M.; SREENIVASAN, T.V. Conservation of sugarcane germplasm. In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP. **Proceedings of the Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1987. p. 33-53.

NAIR, N.V.; NAIR, S.; SREENIVASAN, T.V.; MOHAN, M. Analysis of genetic diversity and phylogeny in *Saccharum* and related genera using RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 46:73-79, 1999.

NAIR, N.V.; SELVI, A.; SREENIVASAN, T.V.; PUSHPALATHA, K.N. Molecular diversity in Indian sugarcane cultivars as revealed by randomly amplified DNA polymorphisms. **Euphytica**, 127:219-225, 2002.

NAWAZ, S.; KHAN, F.A.; TABASUM, S.; ZAKRIA, M.; SAEED, A.; IQBAL, M.Z. Phylogenetic relationships among *Saccharum* clones in Pakistan revealed by RAPD markers. **Genetics and Molecular Research**, 9:1673-1682, 2010.

NAYAMUTH, R.; MANGAR, M.; SOOPAYA, R. Characterization of natural environments for sugarcane flowering ability. In: ANNUAL MEETING OF AGRICULTURAL SCIENTISTS. **Proceedings of the Annual Meeting of Agricultural Scientists**. Réduit, Mauritius: AMAS - Food and Agricultural Research Council, 2003. p. 179-183.

NEERAJA, C.N.; MAGHIRANG-RODRIGUEZ, R.; PAMPLONA, A.; HEUER, S.; COLLARD, B.C.Y.; SEPTININGSIH, E.M.; VERGARA, G.; SANCHEZ, D.; XU, K.; ISMAIL, A.M.; MacKILL, D.J. A marker-assisted backcross approach for developing submergence-tolerant rice cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, 115:767-776, 2007.

NEI, M.; LI, W.H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, 76:5269-5273, 1979.

NEI, M. **Molecular evolutionary genetics**. New York, NY: Columbia University Press, 1987. 512p.

NELDER, J.A.; WEDDERBURN, R.W.M. Generalized linear models. **Journal of the Royal Statistical Society, Series A**, 135:370-384, 1972.

NUNES, J.A.R. **Incorporação da informação de parentesco no método genealógico pelo enfoque de modelos mistos**. Lavras, MG: Universidade Federal de Lavras – UFLA. 2006. 113p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

OITICICA, J. Sugarcane Experiment Station: Northeast Brazil. **Sugar Journal**, 39:16-17, 1977.

OLIVEIRA, É.C.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; PENA, G.F.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; PEREIRA, M.G. Optimizing the efficiency of the touchdown technique in ISSR markers in corn (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Research**, 9:835-842, 2010.

OLIVEIRA, J.C.M.; TIMM, L.C.; TOMINAGA, T.T.; CÁSSARO, F.A.M.; REICHARDT, K.; BACCHI, O.O.S.; DOURADO-NETO, D.; CÂMARA, G.M. de S. Soil temperature in a sugar-cane crop as a function of the management system. **Plant and Soil**, 230:61-66, 2001.

OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; RESENDE, M.D.V.; ZENI NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, 9:269-274, 2008.

ORASMO, G.R.; MACHADO, M.F.P.S. Isozyme diversity in RB (Republic of Brazil) sugarcane (*Saccharum* spp) varieties. **Acta Scientiarum: Biological Sciences**, 25:213-219, 2003.

PAN, Y.-B.; BURNER, D.M.; WEI, Q.; CORDEIRO, G.M.; LEGENDRE, B.L.; HENRY, R.J. New *Saccharum* hybrids in *S. spontaneum* cytoplasm developed through a

combination of conventional and molecular breeding approaches. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, 2:131-139, 2004.

PAN, Y.-B. Highly polymorphic microsatellite DNA markers for sugarcane germplasm evaluation and variety identity testing. **Sugar Tech**, 8:246-256, 2006.

PANJE, R.R. *Saccharum spontaneum* L. A comparative study of the forms grown at the imperial Sugarcane Breeding Station, Coimbatore. **Indian Journal of Agriculture Science**, 3:1-10, 1933.

PANJE, R.R.; SRINIVASAN, K. Studies in *Saccharum spontaneum*: the geographical distribution of spikelet length. **Indian Journal Sugarcane Research and Development**, 1:1-8, 1957.

PANJE, R.R.; BABU, C.N. Studies in *Saccharum spontaneum* distribution and geographical association of chromosome numbers. **Cytologia**, 25:150-152, 1960.

PAPINI-TERZI, F.S.; ROCHA, F.R.; VENCIO, R.Z.; FELIX, J.M.; BRANCO, D.S.; WACLAWOVSKY, A.J.; DEL BEM, L.E.; LEMBKE, C.G.; COSTA, M.D.; NISHIYAMA JÚNIOR, M.Y.; VICENTINI, R.; VINCENTZ, M.G.; ULIAN, E.C.; MENOSSI, M.; SOUZA, G.M. Sugarcane genes associated with sucrose content. **BMC Genomics**, 10:120, 2009.

PARIDA, S.K.; KALIA, S.K.; KAUL, S.; DALAL, V.; HEMAPRABHA, G.; SELVI, A.; PANDIT, A.; SINGH, A.; GAIKWAD, K.; SHARMA, T.R.; SRIVASTAVA, P.S.; SINGH, N.K.; MOHAPATRA, T. Informative genomic microsatellite markers for efficient genotyping applications in sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, 118:327-338, 2009.

PATERSON, A.H.; BOWERS, J.E.; BRUGGMANN, R.; DUBCHAK, I.; GRIMWOOD, J.; GUNDLACH, H.; HABERER, G.; HELLSTEN, U.; MITROS, T.; POLIAKOV, A.; SCHMUTZ, J.; SPANNAGL, M.; TANG, H.; WANG, X.; WICKER, T.; BHARTI, A.K.; CHAPMAN, J.; FELTUS, F.A.; GOWIK, U.; GRIGORIEV, I.V.; LYONS, E.; MAHER, C.A.; MARTIS, M.; NARECHANIA, A.; OTILLAR, R.P.; PENNING, B.W.; SALAMOV, A.A.; WANG, Y.; ZHANG, L.; CARPITA, N.C.; FREELING, M.; GINGLE, A.R.; HASH, C.T.; KELLER, B.; KLEIN, P.; KRESOVICH, S.; McCANN, M.C.; MING, R.; PETERSON, D.G.; UR, R.M.; WARE, D.; WESTHOFF, P.; MAYER, K.F.X.;

MESSING, J.; ROKHSAR, D.S. The *Sorghum* bicolor genome and the diversification of grasses. **Nature**, 457:551-556, 2009.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, 58:545-554, 1971.

PEDROZO, C.Â.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; COSTA, P.M.A.; SILVA, F.L. Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-Açúcar. **Ceres**, 55:1-8, 2008.

PIEPHO, H.-P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, 161:209-228, 2008.

PIEPHO, H.-P.; MÖHRING, J. On estimation of genotypic correlations and their standard errors by multivariate REML using the MIXED procedure of the SAS System. **Crop Science**, 51:2449-2454, 2011.

PINTO, E.S.L. **Cana-de-açúcar**. Rio de Janeiro, RJ: Ministério da Agricultura - MA, 1965. 128p.

PINTO, L.R.; GARCIA, A.A.F.; PASTINA, M.M.; TEIXEIRA, L.H.M.; BRESSIANI, J.A.; ULIAN, E.C.; BIDOIA, M.A.P.; SOUZA, A.P. Analysis of genomic and functional RFLP derived markers associated with sucrose content, fiber and yield QTLs in a sugarcane (*Saccharum* spp.) commercial cross. **Euphytica**, 172:313-327, 2009.

PINTO, R.J.B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. 2. ed. Maringá, PR: EDUEM, 2009. 351p.

PIPERIDIS, N.; JACKSON, P.A.; D'HONT, A.; BESSE, P.; HOARAU, J.-Y.; COURTOIS, B.; AITKEN, K.S.; McINTYRE, C.L. Comparative genetics in sugarcane enables structured map enhancement and validation of marker-trait associations. **Molecular Breeding**, 21:233-247, 2007.

PIPERIDIS, N.; PIPERIDIS, G.; D'HONT, A. Molecular cytogenetics. In: KOLE, C.; HENRY, R.J. (Eds.). **Genetics, genomics and breeding of sugarcane**. New York, NY: CRC Press, Taylor & Francis Group, 2010. p. 9-18.

POCOVI, M.I.; COLLAVINO, N.G.; LOCATELLI, F.M.; PACHECO, M.G.; DIAZ, D.; RIOS, R.D.; MARIOTTI, J.A. Assessing genetic variability of subtropical hybrid sugarcane (*Saccharum* spp.) materials using isozymes and AFLP. **Sugarcane International - The Journal of Cane Agriculture**, 26:6-11, 2008.

POWELL, W.; MACHRAY, G.C.; PROVAN, J. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. **Trends in Plant Science**, 1:215-222, 1996.

PRADO, H. **Solos do Brasil**. 4. ed. Piracicaba, SP: H. do Prado, 2005. 281p.

PRAKUNHUNGSIT, S.; DECHAYAPIROM, P.; TUNGSOMBOUN, T. Study on water application for sugarcane variety U-THONG3 by using ET/E ratio and subsurface drip. In: PROCEEDING OF THE VII INTERNATIONAL MICRO IRRIGATION CONGRESS. **Proceedings of the VII International Micro Irrigation Congress**. Kuala Lumpur, Malaysia: INTERNATIONAL MICRO IRRIGATION CONGRESS, 2006. p. 1-9.

PRICE, S. Interspecific hybridization in sugarcane breeding. In: PROCEEDING OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the XII International Society Sugarcane Technologists**. San Juan, Puerto Rico: PROCEEDINGS OF THE XII INTERNATIONAL SOCIETY SUGARCANE TECHNOLOGISTS, 1965. p. 1021-1026.

PROVAN, J.; POWELL, W.; HOLLINGSWORTH, P.M. Chloroplast microsatellites: new tools for studies in plant ecology and evolution. **Trends in Ecology & Evolution**, 16:142-147, 2001.

RABOIN, L.-M.; OLIVEIRA, K.M.; LECUNFF, L.; TELISMART, H.; ROQUES, D.; BUTTERFIELD, M.; HOARAU, J.-Y.; D'HONT, A. Genetic mapping in sugarcane, a high polyploid, using bi-parental progeny: identification of a gene controlling stalk color and a new rust resistance gene. **Theoretical and Applied Genetics**, 112(7):1382-1392.

RAJENDRAKUMAR, P.; BISWAL, A.K.; BALACHANDRAN, S.M.; SRINIVASARAO, K.; SUNDARAM, R.M. Simple sequence repeats in organellar genomes of rice: frequency and distribution in genic and intergenic regions. **Bioinformatics**, 23:1-4, 2007.

RAO, G.P.; FORD, R.E. Vectors of virus and Phytoplasma diseases of Sugarcane: An Overview. In: RAO, G.P.; FORD, R.E.; TOSIC, M.; TEAKLE, D.S. (Eds.). **Sugarcane Pathology, Vol. III: Virus and Phytoplasma diseases**. Science Publishers, Hamshire, USA, 2000. p. 265-314.

RAO, J.T. Sugarcane origin, taxonomy, breeding and varieties. In: NAIDU, K.M.; SREENIVASAN, T.V.; PREMACHANDRAN, M.N. (Eds.). **Sugarcane varietal improvement**. Coimbatore, India: Sugarcane Breeding Institute, 1989. p. 83-113.

RATNA, D.; TEELUCK, M.; AH KOON, D. Improving use of limited water by sugar cane. In: PROCEEDINGS OF THE 3rd ANNUAL MEETING OF AGRICULTURAL SCIENTISTS. **Proceedings of the 3rd Annual Meeting of Agricultural Scientists**. Réduit, Mauritius: Reduit: Food and Agricultural Research Council, 1998. p. 61-70.

RATTEY, A.R.; PIPERIDIS, G.; TAYLOR, G.O.; COX, M.C. DNA markers: a tool for identifying sugarcane varieties. In: CONFERENCE OF THE AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the Conference of the Australian Society of Sugarcane Technologists**. Brisbane, Queensland: Conference of the Australian Society of Sugarcane Technologists, 2004. p. 1-8.

RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 28/29:37-55, 1994.

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A. de; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 32/33: 3-22, 1996.

RESENDE, M.D.V. Avanços da biométrica florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO. **Anais do Encontro sobre Temas de Genética e Melhoramento**. Piracicaba, SP: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, ESALQ, 1997a. p. 20-46.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento genético de essências florestais. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS. **Anais do Simpósio sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras, MG: Universidade Federal de Lavras, UFLA, 1997b. p. 59-93.

RESENDE, M.D.V.; FERNANDES, J.S.C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, 17:89-107, 1999.

RESENDE, M.D.V.; STURION, J.A. Delineamento e análise estatística de experimentos em silvicultura: efeitos genotípicos, erros aleatórios e estimadores melhorados para a média de tratamentos. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 41:67-73, 2000.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, Documentos nº 47, 2000. 101p.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). **Recursos genéticos e melhoramento – Plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001. p. 357-421.

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

RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo, PR: EMBRAPA Florestas, 2004. 65p.

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

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 41:421-429, 2006.

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

RIDESA. **Relatório Técnico Ano 2008/Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar**. Curitiba, PR: UFPR. 2009. 88p.

RIDESA. **Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar**. 1.ed. Curitiba, PR: UFPR, 2010. 136p.

ROACH, B.T. *Saccharum spontaneum*: Utilization of wild germplasm in breeding. In: PROCEEDINGS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings Proceedings of the International Society of Sugarcane Technologists**. São Paulo, SP: COPERSUCAR, 1977. p. 233-238.

ROACH, B.T.; DANIELS, J. A review of the origin and improvement of sugarcane. In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP. **Proceedings of the Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1987. p. 1-31.

ROACH, B.T. Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. In: PROCEEDINGS OF THE XII AUSTRALIAN SOCIETY SUGARCANE TECHNOLOGISTS. **Proceedings of the XII Australian Society Sugarcane Technologists**. Brisbane, Australia, 1989. p. 34-47.

ROBERTSON, M.J.; WOOD, A.W.; MUCHOW, R.C. Growth of sugarcane under high input conditions in tropical Australia. I. Radiation use, biomass accumulation and partitioning. **Field Crops Research**. 48:11-25, 1996.

ROBINSON, G.K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, 6:15-32, 1991.

RODRIGUES, J.D. **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Botucatu, SP: UNESP, 1995. 101p.

ROMERO, G.; ADEVA, C.; BATTAD II, Z. Genetic fingerprinting: Advancing the frontiers of crop biology research. **Philippine Science Letters**, 2:8-13, 2009.

RUAN, C.-J.; LI, H.; MOPPER, S. Characterization and identification of ISSR markers associated with resistance to dried-shrink disease in sea buckthorn. **Molecular Breeding**, 24:255-268, 2009.

SCALLY, L.; HODKINSON, T.; JONES, M.B. Origin and taxonomy of *Miscanthus*. In: WALSH, M. (Ed.). **Miscanthus: for energy and fiber**. Dublin, Ireland: James & James Ltd, 2000. 204p.

SCARPARI, M.S.; BEAUCLAIR, E.G.F. Anatomia e botânica. In: DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELLOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A. (Eds.). **Cana-de-**

açúcar. 1.ed. Campinas, SP: Instituto Agronômico de Campinas - IAC, 2008. p. 47-56.

SCANDALIOS, J.G. Genetic control of multiple molecular forms of enzymes in plant: a review. **Biochemical Genetics**, 3:37-79, 1969.

SCHLÖTTERER, C. The evolution of molecular markers - just a matter of fashion? **Nature Reviews Genetics**, 5:63-69, 2004.

SCHULMAN, A.H. Molecular markers to assess genetic diversity. **Euphytica**, 158:313-321, 2007.

SEGATO, S.V.; MATTIUZ, C.F.M.; MOZAMBANI, A.E. Aspectos fenológicos da cana-de-açúcar. In: SEGATO, S.V.; PINTO, A.S.; JENDIROBA, E.; NÓBREGA, J.C.M. (Eds.). **Atualização em produção de cana-de-açúcar**. 1.ed. Piracicaba, SP: LIVROCERES, 2006. p. 19-36.

SELVI, A.; NAIR, N.V.; BALASUNDARAM, N.; MOHAPATRA, T. Evaluation of maize microsatellite markers for genetic diversity analysis and fingerprinting in sugarcane. **Genome**, 46:394-403, 2003.

SELVI, A.; NAIR, N.V.; NOYER, J.L.; SINGH, N.K.; BALASUNDARAM, N.; BANSAL, K.C.; KOUNDAL, K.R.; MOHAPATRA, T. Genomic constitution and genetic relationship among the tropical and subtropical Indian sugarcane cultivars revealed by AFLP. **Crop Science**, 45:1750-1757, 2005.

SELVI, A.; NAIR, N.V.; NOYER, J.L.; SINGH, N.K.; BALASUNDARAM, N.; BANSAL, K.C.; KOUNDAL, K.R.; MOHAPATRA, T. AFLP Analysis of the phenetic organization and genetic diversity in the sugarcane complex, *Saccharum* and *Erianthus*. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 53:831-842, 2006.

SELVI, A.; MUKUNTHAN, N.; SHANTHI, R.M.; GOVINDARAJ, P.; SINGARAVELU, B.; PRABU, K.T. Assessment of genetic relationships and marker identification in sugarcane cultivars with different levels of top borer resistance. **Sugar Tech**, 10:53-59, 2008.

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

SHOEMAKER, R.C.; GRANT, D.; OLSON, T.; WARREN, W.C.; WING, R.; YU, Y.; KIM, H.; CREGAN, P.; JOSEPH, B.; FUTRELL-GRIGGS, M.; NELSON, W.; DAVITO, J.; WALKER, J.; WALLIS, J.; KREMITSKI, C.; SCHEER, D.; CLIFTON, S.W.; GRAVES, T.; NGUYEN, H.; WU, X.; LUO, M.; DVORAK, J.; NELSON, R.; CANNON, S.; TOMKINS, J.; SCHMUTZ, J.; STACEY, G.; JACKSON, S.; Microsatellite discovery from BAC end sequences and genetic mapping to anchor the soybean physical and genetic maps. **Genome**, 51:294-302, 2008.

SHULTZ, J.L.; KAZI, S.; BASHIR, R.; AFZAL, J.A.; LIGHTFOOT, D.A. The development of BAC-end sequence-based microsatellite markers and placement in the physical and genetic maps of soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, 114:1081-1090, 2007.

SILVA, C.M.; MANGOLIN, C.A.; MOTT, A.S.; MACHADO, M.F.P.S. Genetic diversity associated with in vitro and conventional bud propagation of *Saccharum* varieties using RAPD analysis. **Plant Breeding**, 127:1-6, 2007.

SILVA, P.P. **Divergência genética em genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) através de caracteres morfoagronômicos e por marcadores moleculares.** Rio Largo, AL: Universidade Federal de Alagoas – UFAL. 2006. 96p. Dissertação (Mestrado em Agronomia).

SIMEPAR. **Sistema meteorológico do Paraná.** Disponível em: <www.simepar.br>. Acesso em: 8, julho, 2011.

SINGH, H.; DESHMUKH, R.K.; SINGH, A.; SINGH, A.K.; GAIKWAD, K.; SHARMA, T.R.; MOHAPATRA, T.; SINGH, N.K. Highly variable SSR markers suitable for rice genotyping using agarose gels. **Molecular Breeding**, 25:359-364, 2010.

SINGH, R.K.; SRIVASTAVA, S.; SINGH, S.P.; SHARMA, M.L.; MOHAPATRA, T.; SINGH, N.K.; SINGH, S.B. Identification of new microsatellite DNA markers for sugar and related traits in sugarcane. **Sugar Tech**, 10:327-333, 2009.

SINGH, R.K.; MISHRA, S.K.; SINGH, S.P.; MISHRA, N.; SHARMA, M.L. Evaluation of microsatellite markers for genetic diversity analysis among sugarcane species and commercial hybrids. **Australian Journal of Crop Science**, 4:116-125, 2010.

SINGH, R.K.; SINGH, R.B.; SINGH, S.P.; SHARMA, M.L. Identification of sugarcane microsatellites associated to sugar content in sugarcane and transferability to other cereal genomes. **Euphytica**, 182:335-354, 2011.

SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria and indices. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier Academic Press, 1987. p. 409-453.

SMITH, A.; CULLIS, B.; GILMOUR, A. The analysis of crop variety evaluation data in Australia. **Australian and New Zealand Journal of Statistics**, 43:129-145, 2001.

SNEATH, P.H.A.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**. San Francisco, CA: W.H. Freeman & Co, 1973. 588p.

SOKAL, R.R.; MICHENER, C.D. A statistical method for evaluating systematic relationships. **University of Kansas Scientific Bulletin**, 28:1409-1438, 1958.

SORANZO, N.; PROVAN, J.; POWELL, W. An example of microsatellite length variation in the mitochondrial genome of conifers. **Genome**, 42:158-161, 1999.

SOUZA JÚNIOR.; C.L. Comparisons of intra, interpopulation and modified recurrent selection methods. **Brazilian Journal of Genetics**, 16:91-105, 1993.

SREENIVASAN, T.V.; AHLOOWALIA, B.S.; HEINZ, D.J. Cytogenetics. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier Science Ltd, 1987. p. 211-253.

STEVENSON, G.C. **Genetics and breeding of sugarcane**. London, UK: Longmans, 1965. 25p.

STRINGER, J.K.; McRAE, T.A.; COX, M.C. Best linear unbiased prediction as a method of estimating breeding value in sugarcane. In: WILSON, H.; HOGARTH, D.M.; CAMPBELL, S.; GARSIDE, G. (Eds.). **Sugarcane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane, Australia: CSIRO, 1996. p. 39-41.

SUPRASANNA, P.; PATADE, V.Y.; DESAI, N.S.; DEVARUMATH, R.M.; KAWAR, P.G.; PAGARIYA, M.C.; GANAPATHI, A.; MANICKAVASAGAM, M.; BABU, K.H. Biotechnological developments in sugarcane improvement: an overview. **Sugar Tech**, 13:322-335, 2011.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. Porto Alegre, RS. Artmed. 4^a ed. 2008. 820p.

TAMILKUMAR, P.; JERLIN, R.; SENTHIL, N.; GANESAN, K.N.; JEEVAN, R.J.; RAVEENDRAN, M. Fingerprinting of rice hybrids and their parental lines using microsatellite markers and their utilization in genetic purity assessment of hybrid rice. **Research Journal of Seed Science**, 2: 40-47, 2009.

TANKSLEY, S.D.; McCOUCH, S.R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. **Science**, 277:1063-1066, 1997.

TARDIN, F.D.; PEREIRA, M.G.; GABRIEL, A.P.C.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SOUZA FILHO, G.A. Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 7:225-233, 2007.

TAUCONNIER, R.; BASSEREAU, D. **La caña de azúcar**. Barcelona, Spain: Editorial Blume, 1975. 443p.

TAUTZ, D.; RENZ, M. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. **Nucleic Acids Research**, 12:4127-4138, 1984.

TAUTZ, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. **Nucleic Acids Research**, 17:6463-6471, 1989.

TAUTZ, D. Notes on the definition and nomenclature of tandemly repetitive DNA sequences. In: PENA, S.D.J.; CHAKRABORTY, R.; EPPLEN, J.T.; JEFFREYS, A.J. (Eds.). **DNA fingerprinting: state of the science**. 1. ed. Basel, Switzerland: BirkhäuserVerlag, 1993. p. 21-8.

TEIXEIRA, L.H.M. **Mapeamento funcional em cana-de-açúcar utilizando ESTs como marcadores moleculares**. Campinas, SP: Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP. 2006. 96p. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular).

- TEW, T.L.; PAN, Y.-B. Microsatellite (Simple Sequence Repeat) marker-based paternity analysis of a seven-parent sugarcane polycross. **Crop Science**, 50:1401-1408, 2010.
- TOMKINS, J.P.; YU, Y.; MILLER-SMITH, H.; FRISCH, D.A.; WOO, S.S.; WING, R.A. A bacterial artificial chromosome library for sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, 99:419-424, 1999.
- VIANA, J.M.S.; FARIA, V.R.; SILVA, F.F.; RESENDE, M.D.V. Best linear unbiased prediction and family selection in crop species. **Crop Science**, 51:2371-2381, 2011.
- WACLAWOVSKY, A.J.; SATO, P.M.; LEMBKE, C.G.; MOORE, P.H.; SOUZA, G.M. Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. **Plant Biotechnology Journal**, 8:263-276, 2010.
- WANG, L.-P.; JACKSON, P.A.; LU, X.; FAN, Y.-H.; FOREMAN, J.W.; CHEN, X.-K.; DENG, H.-H.; FU, C.; MA, L.; AITKEN, K.S. Evaluation of sugarcane x progeny for biomass composition and yield components. **Crop Science**, 48:951-961, 2008.
- WANG, M.L.; BARKLEY, N.A.; JENKINS, T.M. Microsatellite markers in plants and insects. Part I. Applications of biotechnology. **Genes, Genomes and Genomics**, 3:54-67, 2009.
- WANG, X.-H.; YANG, Q.-H.; LI, F.-S.; HE, L.-L.; HE, S.-C.; Molecular identification of *Saccharum* spp x *Erianthus fulvus* hybrids using sequence-characterized amplified region markers. **Crop Science**, 49:864-870, 2009.
- WEBER, J.L. Informativeness of human (dC-dA)_n.(dG-dT)_n polymorphisms. **Genomics**, 7:524-530, 1990.
- WEINER, M.P.; HUDSON, T.J. Introduction to SNPs: Discovery of markers for disease. **BioTechniques**, 32:S4-S13, 2002.
- WEISING, K.; GARDNER, R.C. A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. **Genome**, 42:9-19, 1999.
- WHALEN, M.D. Taxonomy of *Saccharum* (*Poaceae*). **Baileya**, 23:109-125, 1991.

WHITE, T.L.; HODGE, G.R. Best linear prediction of breeding values in a forest tree improvement program. **Theoretical and Applied Genetics**, 76:719-727, 1988.

WHITE, T.L.; HODGE, G.R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. 1.ed. Dordrecht, Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 1989. 388p.

WILLIAMS, E. **From Columbus to Castro: The History of the Caribbean 1492-1969**. New York, NY. Vintage Books, 1984. 576p.

ZAMBON, J.L.C. **Validação do método de seleção de genótipos de cana-de-açúcar para o estado do Paraná**. Curitiba, PR: Universidade Federal do Paraná – UFPR. 2000. 111p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal).

ZANE, L.; BARGELLONI, L.; PATARNELLO, T. Strategies for microsatellite isolation: a review. **Molecular Ecology**, 11:1-16, 2002.

ZENI NETO, H.; DAROS, E.; ZAMBON, J.L.C.; BESPALHOK FILHO, J.C.; OLIVEIRA, R.A. de; WEBER, H. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones precoces de cana-de-açúcar no estado do paraná. **Scientia Agraria**, 9:283-289, 2008.

ZHANG, G.-M.; LI, Y.-R.; HE, W.-Z.; HE, H.; LIU, X.-H.; SONG, H.-Z.; LIU, H.-B.; ZHU, R.-C.; FANG, W.-K.M.; Analysis of the genetic diversity in *Saccharum spontaneum* L. accessions from Guangxi Province of China with RAPD-PCR. **Sugar Tech**, 12:31-35, 2010.

4. CAPÍTULOS

4.1. Capítulo I:SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) VIA REML/BLUP

RESUMO

ZENI NETO, Hugo. D.Sc. Universidade Estadual de Maringá, dezembro 2011. **Seleção de famílias e predição de parâmetros genéticos de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) via REML/BLUP.** Orientador: Pedro Soares Vidigal Filho. Professores Conselheiros: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bepalhok Filho.

Na maioria dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, nas fases iniciais de seleção dos genótipos, em geral são avaliadas características que apresentam baixa herdabilidade, por isso vem-se preferindo a adoção do procedimento de seleção de famílias ao invés da seleção massal. O presente trabalho teve por objetivo selecionar famílias de cana-de-açúcar e estimar parâmetros genéticos por meio da metodologia de máxima verossimilhança restrita e do melhor preditor linear não viciado (REML/BLUP). Para tanto foram utilizados 78 famílias de cana-de-açúcar oriundas da Série República Brasil 2005 (RB05). As características avaliadas foram massa total da touceira (MTT), massa média de 1 (um) colmo (M1CT), altura (ALT) e número de colmos por metro linear (NCM). A estratégia em questão mostrou-se eficiente para as características avaliadas, possibilitando selecionar de 34 a 38 famílias. A estimativa de ganho para as próximas fases de seleção variaram de 2,63 a 13,84%. A acurácia seletiva do experimento variou de 0,7933 a 0,8873, o que demonstra haver grande precisão experimental e grande concisão nos valores preditos. Com a utilização do índice clássico de seleção para as quatro características estudadas, as cinco melhores famílias encontradas foram F57M46, F04M14, F47M31, F75M70 e F41M64, com ganhos de 14,79 a 1,11% nas próximas fases de seleção.

Palavras-chave: modelos mistos; acurácia; índice clássico.

ABSTRACT

ZENI NETO, Hugo. *D.Sc.* Universidade Estadual de Maringá, december 2011. **Selection of families and prediction of genetic parameters of sugarcane (*Saccharum spp.*) by REML/BLUP.** Professor adviser: Pedro Soares Vidigal Filho. Committee members: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bessalho Filho.

In most sugarcane breeding programs, in the early stages of selection of genotypes, in general, the characteristics are evaluated with low heritability, so it comes to preferring the adoption of the procedure for selection of families rather than massal selection. This work aimed to select families of sugarcane and estimate genetic parameters through the method of restricted maximum likelihood and best linear unbiased predictor (REML/BLUP). For this purpose, were used 78 families of sugarcane originated from Republic of Brazil Series 2005 (RB05). The characteristics evaluated were total mass of the clump (MTT), average weight of a culm (M1CT), height (ALT) and number of stems per meter (NCM). The strategy in question proved to be efficient for the characteristics evaluated, and could selected from 34 to 38 families. The estimated gain for the next phases of selection ranged from 2.63 to 13.84%. The selective accuracy of the experiment ranged from 0.7933 to 0.8873 showing up there was great experimental precision and great conciseness on the predicted values. Using the classical index selection for the four characteristics studied, the top 5 families were: F57M46, F04M14, F47M31, F75M70 and F41M64 with gains between 14,79 and 1,11% in the next stage on breeding program.

Key words: mixed models; accuracy; classical index.

4.1.1. INTRODUÇÃO

Não obstante a posição privilegiada em que se encontra o Brasil quanto à produção da cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*), os programas de melhoramento genético da cultura buscam novas cultivares de cana-de-açúcar com alto potencial produtivo de etanol e de açúcar (Arruda, 2011). Com relação a esse ponto, é crucial que se melhore a eficiência na seleção dos materiais genéticos já nas primeiras fases do programa de melhoramento genético.

Nessas fases iniciais são avaliadas características de baixa herdabilidade (Barbosa et al., 2005) e elevado coeficiente de variação, fazendo com que aumente o número de indivíduos selecionados, pois eles não se repetem. Para facilitar o trabalho é adotado o procedimento de seleção de famílias, o qual busca selecionar as melhores famílias e rejeitar as piores (Oliveira et al., 2008), pois as melhores famílias tendem a ser mais efetivas na geração de clones promissores para as próximas fases dos programas de melhoramento genético (Hill et al., 1996).

A seleção de famílias tem sido indicada por outros autores (Bressiani, 2001; Kimbeng e Cox, 2003), devido à sua importância crucial no aumento do ganho genético em qualquer programa de melhoramento genético.

O objetivo não é só medir o potencial de um indivíduo para ser um futuro genitor, mas também prever valores para modificar as estratégias dos próximos passos de seleção dentro dos programas de melhoramento genético, aumentar a eficácia do experimento e estimar a variância aditiva dos materiais plantados; (Atkin et al., 2009).

Dentre as metodologias adotadas para selecionar famílias a que mais se destaca é a baseada em REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction*) (Meyer, 1991; Resende, 2002).

O BLUP foi iniciado em melhoramento animal (Henderson, 1975) e recentemente foi utilizado no melhoramento vegetal (Furlani et al., 2005; Oakey et al., 2006, 2007). Nesses estudos os autores verificaram que o BLUP era mais preciso que metodologias como, por exemplo, a AMMI (*Additive Main Effect Multiplicative Interaction*), pelo fato de o BLUP usar informações oriundas dos indivíduos dentro das correlações genotípicas.

A vantagem do REML em relação à dos quadrados mínimos (ordinário ou generalizado) (Kennedy e Sorensen, 1988) é que o primeiro usa as informações dos próprios indivíduos (ou dos pais, caso necessário). Isso a faz não ser tendenciosa, além de levar em conta a covariância genética entre os tratamentos, o que ponderaria o desbalanceamento dos genótipos dentro do desenho estatístico adotado (Littell, 2002).

Na literatura de cana-de-açúcar encontram-se características com herdabilidades no sentido restrito de baixa a média magnitude (Barbosa et al., 2004; Oliveira et al., 2008). Alguns exemplos são a massa da touceira, °Brix, tonelada de cana por hectare e a massa média de colmo, as quais se amoldam à proposta da metodologia dos modelos mistos e seleção de famílias (Pedrozo et al., 2009).

Diante do exposto, esse trabalho visa selecionar famílias promissoras da Série RB05 do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) oriundas da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA) utilizando-se da metodologia REML/BLUP em sua primeira fase de melhoramento (T1), bem como estimar seus parâmetros genéticos.

4.1.2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos de campo constituíram-se de um total de 78 famílias de irmãos germanos (Quadro 1) provenientes de cruzamentos realizados na estação experimental da Serra do Ouro (RIDESA/UFAL), Murici (9°18'26" S e 35°55'55" W 82 m), Alagoas, Brasil, no ano de 2005.

Quadro 1. Número de cruzamentos biparentais, relação dos genitores femininos e masculinos e códigos usados para identificação dos cruzamentos utilizados no experimento de estudo de famílias compostas por irmãos germanos em cana-de-açúcar da Série RB05. Paranavaí, Paraná, 2011

Nº	Genitor feminino	Genitor masculino	Código da família	Nº	Genitor feminino	Genitor masculino	Código da família
1	RB855511	RB855156	F01M24	40	RB711114	SP91-1049	F44M02
2	RB855511	RB961530	F01M39	41	RB936001	RB965586	F45M78
3	SP91-1049	RB9364	F02M77	42	SP89-1115	RB915124	F46M07
4	RB962002	RB965921	F03M33	43	SP89-1115	RB935860	F46M28
5	RB92606	SP83-2847	F04M14	44	SP89-1115	RB735200	F46M72
6	RB92606	RB971537	F04M40	45	SP89-1115	RB855536	F46M73
7	RB92606	RB971551	F04M79	46	SP71-6949	CB45-155	F47M31
8	SP85-3877	RB961005	F05M68	47	RB947501	SP80-3280	F48M41
9	RB946022	RB925211	F09M67	48	RB947501	RB945956	F48M70
10	RB945961	RB957751	F10M29	49	RB912695	RB945065	F49M75
11	RB945961	RB956911	F10M51	50	RB925345	RB915124	F54M07
12	IAC93-7009	H83-9998	F11M69	51	RB855035	RB945956	F56M70
13	RB951015	RB957712	F13M17	52	RB915141	RB855322	F57M12
14	SP83-2847	RB855206	F14M08	53	RB915141	SP89-1115	F57M46
15	SP83-2847	L60-14	F14M22	54	RB966920	SP89-1115	F58M46
16	SP83-2847	RB72454	F14M82	55	RB945962	RB947532	F59M18
17	RB863129	SP83-2847	F15M14	56	RB945962	RB9620	F59M50
18	RB957712	RB945954	F17M25	57	RB835486	RB945961	F60M10
19	RB957712	RB93522	F17M35	58	RB835486	IAC86-2210	F60M16
20	RB931604	RB957751	F19M29	59	RB835486	RB931604	F60M19
21	Co434	RB946915	F23M76	60	RB835486	RB855127	F60M43
22	RB896342	RB961527	F26M55	61	RB835486	RB835089	F60M52
23	RB896342	RB92508	F26M65	62	RB835486	RB961539	F60M71
24	Co775	RB855035	F27M56	63	SP80-1842	RB83102	F61M38
25	IAC87-3396	RB855063	F30M36	64	RB957610	RB93522	F62M35
26	Laica98-208	RB855035	F32M56	65	RB739735	SP80-3280	F63M41
27	RB855563	SP91-1049	F34M02	66	RB941531	IAC87-3396	F66M30
28	RB93522	RB957689	F35M06	67	RB925211	SP91-1049	F67M02
29	RB971537	RB943339	F40M74	68	RB925211	SP70-1143	F67M37
30	SP80-3280	RB965911	F41M20	69	RB945956	IAC87-3396	F70M30
31	SP80-3280	RB872552	F41M21	70	RB945956	RB947501	F70M48
32	SP80-3280	L60-14	F41M22	71	RB945956	RB855035	F70M56
33	SP80-3280	SP71-6949	F41M47	72	RB945956	RB945065	F70M75
34	SP80-3280	RB947501	F41M48	73	RB943339	RB971537	F74M40
35	SP80-3280	SP70-1284	F41M53	74	RB945065	RB945956	F75M70
36	SP80-3280	RB835486	F41M60	75	RB965586	RB936001	F78M45
37	SP80-3280	RB867515	F41M64	76	RB9557	RB72454	F80M82
38	SP80-3280	RB72454	F41M82	77	RB91537	SP91-1049	F81M02
39	RB945964	SP91-1049	F42M02	78	RB72454	RB855511	F82M01

Por serem cruzamentos realizados no ano de 2005, essas famílias pertencem à chamada Série RB05, do PMGCA/UFPR/RIDESA. Esses cruzamentos foram obtidos na forma biparental, ou seja, foram cruzamentos controlados nos quais se conhece quem são os genitores, tanto o feminino quanto o masculino.

O campo experimental da Série RB05 possuiu 7.800 plântulas (*seedlings*), que foram plantados no dia 10 de fevereiro de 2006.

Os tratamentos foram plantados em duas linhas de 5 m de comprimento cada e espaçadas por 1,40 m entre linhas e 0,50 m entre indivíduos, em um arranjo de Blocos Incompletos com cinco repetições de cada família. A parcela experimental foi constituída de 20 touceiras de cana-de-açúcar presentes nessas duas linhas, desconsiderando-se como bordadura as duas primeiras e as duas últimas touceiras de cada linha, e assim, a área útil da parcela que continha uma família foi de 7 m². O plantio foi realizado em fevereiro de 2006, sendo conduzido no município de Paranaíba (22°58' S, 52°28' W, 503 m.), Paraná (PR), Brasil.

O campo experimental esteve presente em uma região, segundo a classificação climática de Köppen, do tipo Cfa, caracterizado como de clima temperado úmido com verões quentes, cuja temperatura média do mês mais quente é superior aos 22 °C, chovendo entre 1.000 mm e 2.000 mm anualmente, de forma bem distribuída ao longo das estações (Peel et al., 2007). Os dados térmicos e pluviométricos do período em que o experimento foi feito em campo encontram-se no Quadro 1A.

O plantio desse experimento foi feito sobre Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico (LVAd), o qual apresenta algumas particularidades, como acidez, baixa capacidade de troca catiônica (CTC), baixa reserva de nutrientes, adensamento genético e baixo armazenamento de água (Prado, 2005). Depois de realizada a análise físico-química do solo, foi empregado o cultivo mínimo, adubando-se a cana-planta com 500 kg·ha⁻¹ com o formulado 05-25-25 no sulco do plantio, e para cana-soca foram utilizados 600 kg·ha⁻¹ do formulado 20-0-20.

Os tratos culturais foram realizados com herbicidas e pesticidas registrados no Ministério da Agricultura e recomendados para o cultivo da cana-de-açúcar conforme literatura (Rott et al., 1994; Gallo et al., 2002; Procópio et al., 2003).

O primeiro corte, chamado cana-planta, foi realizado em julho de 2007, e esse dado não foi considerado. Em 2008 o segundo corte, chamado de “cana soca” foi feito no mês de julho, sendo avaliadas as características: massa total da touceira (MTT), massa média de 1 (um) colmo na touceira (M1CT), altura (ALT) e número médio de colmos por metro quadrado (NCM).

A MTT foi obtida com o auxílio de um dinamômetro usado no local do experimento. Inicialmente, com o emprego do facão, cortava-se a cana-de-açúcar rente ao colo da planta, descartando-se seus ponteiros (região próxima à folha +5, Dillewijn, 1952) e as folhas, e em seguida a cana-de-açúcar era pesada nesse equipamento (Longo e Matsuoka, 1984). A M1CT foi feita por meio da contagem do número de colmos da touceira e se fez a razão da MTT pela contagem desses colmos (Longo e Matsuoka, 1984). A ALT foi mensurada com uma régua graduada de 5 em 5 cm, totalizando 4 m, a qual era colocada no centro da touceira e media-se a altura até a primeira aurícula visível (*dewlap*), caracterizando assim a folha +1 (Dillewijn, 1952). Como já fora realizada a contagem dos colmos, posteriormente foi feita a razão pela área em que as linhas de plantio se encontravam (1,4 m x 5 m) totalizando 7 m² para achar a variável NCM.

Os dados foram analisados no *software* SELEGEN - REML/BLUP (Resende, 2007), sob o Modelo 38 (Blocos incompletos, várias plantas por parcela, genitores não aparentados):

$$y = X_r + Z_a + W_{par} + S_f + T_b + e$$

Nesse modelo: y é o vetor de dados, r é o vetor de efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), par é o vetor de efeitos de parcela (aleatório), f é o vetor de efeitos de dominância de família de irmãos germanos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos dos blocos (assumidos como aleatórios) e é o vetor de erros ou resíduos (assumidos como aleatórios). X , Z , W , S e T representam as matrizes de incidência para os efeitos respectivamente.

As médias e variâncias do Modelo 38 têm as seguintes distribuições e estruturas:

$$y | r, V \sim N(Xr, V)$$

$$a \mid A1 \sigma_a^2 \sim N(0, A1 \sigma_a^2)$$

$$par \mid I \sigma_{par}^2 \sim N(0, I \sigma_{par}^2)$$

$$f \mid I \sigma_f^2 \sim N(0, I \sigma_f^2)$$

$$b \mid I \sigma_b^2 \sim N(0, I \sigma_b^2)$$

$$e \mid I \sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

Como:

$$E = \begin{bmatrix} y \\ a \\ par \\ f \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_r \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ par \\ f \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZA\sigma_a^2 & W I \sigma_{par}^2 & S I \sigma_f^2 & T I \sigma_b^2 & I \sigma_e^2 \\ A\sigma_a^2 Z' & A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ I \sigma_{par}^2 W' & 0 & W I \sigma_{par}^2 & 0 & 0 & 0 \\ I \sigma_f^2 S' & 0 & 0 & S I \sigma_f^2 & 0 & 0 \\ I \sigma_b^2 T' & 0 & 0 & 0 & T I \sigma_b^2 & 0 \\ I \sigma_e^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & I \sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

logo,

$$V = Var(y) = ZA\sigma_a^2 Z' + W I \sigma_{par}^2 W' + S I \sigma_f^2 S' + T I \sigma_b^2 T' + I \sigma_e^2$$

sendo A a matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos nesse estudo.

Portanto:

Cov(a, par')=0; Cov(a, f')=0; Cov(a, b')=0; Cov(a, e')=0; Cov(par, f')=0; Cov(par, b')=0; Cov(par, e')=0; Cov(f, b')=0; Cov(f, e')=0 e Cov(b, e')=0

As equações do modelo foram:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'V & X'W & X'S & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'S & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'S & W'T \\ S'X & S'Z & S'W & S'S + I\lambda_3 & S'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'S & T'T + I\lambda_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{a} \\ \hat{par} \\ \hat{f} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ S'y \\ T'y \end{bmatrix}, \text{ em}$$

que:

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{par}^2 - \hat{c}_{fam}^2 - \hat{c}_{bloc}^2}{\hat{h}_a^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_{par}^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{par}^2 - \hat{c}_{fam}^2 - \hat{c}_{bloc}^2}{\hat{c}_{par}^2}$$

$$\lambda_3 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_f^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{par}^2 - \hat{c}_{fam}^2 - \hat{c}_{bloc}^2}{\hat{c}_{fam}^2};$$

$$\lambda_4 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_b^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{par}^2 - \hat{c}_{fam}^2 - \hat{c}_{bloc}^2}{\hat{c}_{bloc}^2};$$

em que:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{par}^2 + \hat{\sigma}_{fam}^2 + \hat{\sigma}_{bloc}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é a herdabilidade individual no sentido restrito;}$$

$$\hat{c}_{par}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{par}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{par}^2 + \hat{\sigma}_{fam}^2 + \hat{\sigma}_{bloc}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é o coeficiente de determinação dos efeitos de}$$

parcela;

$$\hat{c}_{fam}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{fam}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{par}^2 + \hat{\sigma}_{fam}^2 + \hat{\sigma}_{bloc}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é o coeficiente de determinação dos efeitos da}$$

capacidade específica de combinação (CEC) ou dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos;

$$\hat{c}_{bloc}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{bloc}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{par}^2 + \hat{\sigma}_{fam}^2 + \hat{\sigma}_{bloc}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ coeficiente de determinação dos efeitos do}$$

bloco;

$\hat{\sigma}_a^2$: estimador da variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_{par}^2$: estimador da variância de parcelas;

$\hat{\sigma}_{fam}^2$: estimador da variância da CEC ou variância genética de dominância entre as famílias de irmãos germanos;

$\hat{\sigma}_{bloc}^2$: estimador da variância entre blocos;

$\hat{\sigma}_e^2$: estimador da variância do erro ou residual.

Para obter as estimativas, dos componentes de variância por REML pelo algoritmo EM (*Expectation – Maximization*) foram obtidos os estimadores iterativos:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{(y'y - \hat{r}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{f}'W'y - \hat{b}'S'y)}{N - r(x)};$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = \frac{[\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 tr(A^{-1}C^{22})]}{q};$$

$$\hat{\sigma}_{par}^2 = \frac{[p\hat{a}r'p\hat{a}r + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{33})]}{s_1};$$

$$\hat{\sigma}_{fam}^2 = \frac{[\hat{f}'\hat{f} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{44})]}{s_2};$$

$$\hat{\sigma}_{bloc}^2 = \frac{[\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{55})]}{s_3}$$

em que:

C^{22} , C^{33} , C^{44} e C^{55} derivam de C^{-1} :

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} & C_{15} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} & C_{25} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} & C_{35} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} & C_{45} \\ C_{51} & C_{52} & C_{53} & C_{54} & C_{55} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} & C^{15} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} & C^{25} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} & C^{35} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} & C^{45} \\ C^{51} & C^{52} & C^{53} & C^{54} & C^{55} \end{bmatrix} ;$$

em que:

C: é a matriz dos coeficientes das equações do modelo;

tr: traço matricial;

r(x): posto da matriz X;

N: número total de dados;

q: número total de genitores;

s_1 , s_2 e s_3 : número total de parcelas, total de cruzamentos e total de blocos respectivamente.

Foi estimada também a herdabilidade média da família por meio de:

$$\hat{h}_{fam}^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\frac{\hat{\sigma}_a^2}{2} + \frac{\hat{\sigma}_{par}^2}{n^{\circ} rep} + \hat{\sigma}_{fam}^2 + \left(\frac{\frac{\hat{\sigma}_a^2}{2} + \hat{\sigma}_e^2}{n^{\circ} plts \cdot n^{\circ} rep} \right)} ;$$

em que $n^{\circ} plts$ é o número de plantas na parcela (igual a 20) e $n^{\circ} rep$ é o número de repetições (igual a 5).

A variância genotípica entre famílias é dada pela fórmula:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \left(\frac{\hat{\sigma}_a^2}{2} \right) + \hat{\sigma}_{fam}^2 ;$$

Variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV):

$$(PEV) = (1 - \hat{h}_{fam}^2) \hat{\sigma}_p^2 ;$$

Desvio padrão do valor genotípico predito (SEP):

$$(SEP) = \sqrt{PEV} ;$$

Acurácia seletiva entre famílias:

$$A_{c_{fam}} = \sqrt{\hat{h}_{fam}^2} ;$$

Coefficiente de variação genética (CVgi%):

$$CV_{gi} (\%) = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\mu_g} \right) \cdot 100 ;$$

em que:

μ_g : é a média geral.

Coeficiente de variação ambiental (CVe%):

$$CV_e (\%) = \left[\sqrt{\left(\frac{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}{2} \right) + \sigma_{par}^2} / \mu_g \right] \cdot 100 ;$$

Coeficiente de variação relativa (CVr):

$$CV_r = CV_{gi}(\%) / CV_e(\%)$$

Quando se usam os modelos mistos para prever valores, principalmente em dados desbalanceados, recomenda-se o uso do teste conhecido como DEVIANCE (em português ANADEV) que é equivalente ao teste clássico da ANOVA, o qual testa a significância dos estimadores por meio das estatística qui-quadrado (χ^2) (Resende, 2007). A DEVIANCE é dada pela seguinte fórmula:

$$D(y) = -2 \left[\log \{ p(y | \hat{\theta}_0) \} - \log \{ p(y | \hat{\theta}_s) \} \right]$$

Em que:

$\hat{\theta}_0$ é referente aos valores ajustados dos parâmetros do modelo e,

$\hat{\theta}_s$ denota os parâmetros ajustados para o todo o modelo (ou seja, o "modelo completo").

4.1.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os parâmetros genéticos estimados pelo Modelo 38 no estudo das 78 famílias estão apresentados no Quadro 2.

Quadro 2. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa total da touceira (MTT), massa média de 1 perfilho na touceira (M1CT), altura (ALT) e número médio de colmos por metro quadrado (NCM) das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da Série RB05. Paranavaí, PR, 2011

Estimadores	MTT (kg)	M1CT (kg)	ALT (m)	NCM
\hat{s}_a^2	0,1331	0,0057	0,0015	0,0116
\hat{s}_{par}^2	0,8806	0,0019	0,0093	0,0184
\hat{s}_{bloc}^2	0,0068	0,0001	0,0051	0,0134
\hat{s}_{fam}^2	0,8806	0,0019	0,0093	0,0184
\hat{s}_e^2	31,5387	0,2397	0,0850	0,7864
\hat{s}_f^2	33,4397	0,2448	0,1102	0,8483
\hat{h}_a^2	0,0040 ± 0,0058	0,0051 ± 0,0066	0,0136 ± 0,0107	0,0137 ± 0,0108
\hat{h}_{fam}^2	0,6580	0,6294	0,7872	0,6762
m_g	6,7493	0,6811	1,6241	1,3927
\hat{s}_p^2	0,9471	0,0048	0,0101	0,0242
PEV	0,3239	0,0018	0,0021	0,0078
SEP	0,5691	0,0421	0,0463	0,0886
$A_{c_{fam}}$	0,8112	0,7933	0,8873	0,8223
CV_{gi} (%)	14,4193	10,1426	6,1781	11,1787
CV_e (%)	23,2426	17,4034	7,1821	17,2985
CV_r	0,6204	0,5828	0,8602	0,6462

Nota: (\hat{s}_a^2 : estimador da variância genética aditiva), (\hat{s}_{par}^2 : estimador da variância de parcelas), (\hat{s}_{bloc}^2 : estimador da variância entre blocos), (\hat{s}_{fam}^2 : estimador da variância da CEC ou variância genética de dominância entre famílias), (\hat{s}_e^2 : estimador da variância residual), (\hat{s}_f^2 : estimador da variância fenotípica individual), (\hat{h}_a^2 : estimador da herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos), (\hat{h}_{fam}^2 : estimador da herdabilidade média, em nível de famílias), (m_g : média geral), (\hat{s}_p^2 : estimador da variância genotípica entre famílias), (PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos), (SEP: desvio padrão do valor genotípico predito), ($A_{c_{fam}}$: acurácia seletiva entre famílias), [(CV_{gi} (%): coeficiente de variação genética)], [(CV_e (%): coeficiente de variação ambiental)], (CV_r : coeficiente de variação relativa).

De acordo com a classificação descrita por Resende (2002), a herdabilidade pode ser considerada como de baixa magnitude quando $\hat{h}_a^2 < 0,15$, de média magnitude entre $0,15 < \hat{h}_a^2 < 0,50$ e alta magnitude quando $\hat{h}_a^2 > 0,50$. Logo, os resultados apresentados no Quadro 2 evidenciam que todas as características estudadas apresentaram herdabilidade individuais muito baixa, (0,0040; 0,0051;

0,0136 e 0,0137 respectivamente), ratificando-se que são muito influenciadas pela ação do ambiente (Barbosa et al., 2005). Em contrapartida, as herdabilidades médias das famílias, para todas as características foram, nesse estudo (Quadro 2), de alta magnitude (0,6580; 0,6294; 0,7872 e 0,6752 respectivamente). Com isso há a preferência pela seleção de famílias ao invés da seleção massal (Shanthi et al., 2008).

Uma provável explicação para esse acontecimento é o número de repetições ter sido muito pequeno no experimento, e que alguns indivíduos dessas famílias, mesmo tendo sido distribuídos pelo campo cinco vezes ao longo do seu ciclo, não brotaram depois do primeiro corte, realizado em 2007, ou simplesmente não se desenvolveram ao ponto de poderem gerar algum número diferente de zero. Caso fosse adotado o vetor r como aleatório, em vista desse desbalanceamento das repetições das famílias, todo o modelo ficaria sendo aleatório (Resende, 2007), e conseqüentemente, os efeitos de repetições seriam distribuídos de forma confundida dentro dos efeitos dos blocos, o que, por sua vez, poderia inflacionar erroneamente a parte da variância genética não aditiva (Resende e Barbosa, 2006).

A acurácia é a correlação entre os valores genéticos preditos analisados e aqueles valores verdadeiros do tratamento genético, que na maioria dos casos são desconhecidos, e é também um parâmetro importante na prática de seleção genotípica (Resende, 2007). A acurácia, segundo Resende (2002), é um parâmetro adequado para avaliar a qualidade dos experimentos, pois dentro de uma única estatística estariam englobados conjuntamente o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípica na população. No Quadro 2 verifica-se que para as quatro características estudadas a acurácia ficou entre 0,7933 (M1CT) e 0,8873 (ALT), o que leva a inferir a alta confiabilidade nos dados do experimento, os quais são passíveis de seleção nos tratamentos e de grande precisão nos valores preditos.

Observa-se (Quadro 2) que foram encontrados coeficientes de variação genética acima de 10% ($CV_{gi}\% > 10\%$), isso possibilita descobrir resultados satisfatórios dentro da seleção, por haver grande variabilidade genética dentro das famílias em estudo (Resende, 2002). Ainda no Quadro 2, nota-se que somente para a característica ALT não foi verificada alta variabilidade genética ($CV_{gi}\% = 6,1781$) dentro das famílias que compõem a Série RB05. O contrário pode ser observado

(Quadro 2) para as outras três características (14,4193; 10,1426 e 11,1787 respectivamente para MTT, M1CT e NCM).

O fato de a ALT não apresentar grande variabilidade genética (Quadro 2) como as outras três características pode ser explicado, provavelmente, pelo fato de os cruzamentos realizados terem sido entre genitores que possuíam bases genéticas muito estreita entre si, ou seja, muito próximas para tal característica. Muitos trabalhos evidenciaram esse acontecimento com outras características em cana-de-açúcar (Daniels e Roach, 1987; Jackson, 2005; Silva et al., 2005).

Quadro 3. Resultados da análise de ANADEV (DEVIANCE) para as características MTT, M1CT, ALT e NCM para as 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05. Paranavaí, PR, 2011

MTT	DEVIANCE	χ^2	σ_a^2	h_g^2
Efeitos aditivos (CGC)	8.443,6906	4,2256*	0,1331	0,1093
Efeitos parcela	8.441,0272	1,5622 ^{ns}	0,1328	0,2147
Efeitos de CEC	8.441,0272	1,5622 ^{ns}	0,1328	0,0040
Efeitos de Blocos	8.439,4652	0,0002 ^{ns}	0,1329	0,1095
Completo	8.439,4650			
M1CT	DEVIANCE	χ^2	σ_a^2	h_g^2
Efeitos aditivos (CGC)	744,7565	3,9169*	0,0012	0,0365
Efeitos parcela	742,9802	2,1406 ^{ns}	0,0012	0,0681
Efeitos de CEC	742,9802	2,1406 ^{ns}	0,0012	0,0050
Efeitos de Blocos	742,7393	1,8997 ^{ns}	0,0012	0,0365
Completo	740,8396			
ALT	DEVIANCE	χ^2	σ_a^2	h_g^2
Efeitos aditivos (CGC)	2.540,0044	0,0167 ^{ns}	0,0015	0,3520
Efeitos parcela	2.539,9897	0,0020 ^{ns}	0,0015	0,6905
Efeitos de CEC	2.539,9877	0,0020 ^{ns}	0,0015	0,0136
Efeitos de Blocos	2.568,1112	28,1235**	0,0016	0,4040
Completo	2.539,9897			
NCM	DEVIANCE	χ^2	σ_a^2	h_g^2
Efeitos aditivos (CGC)	1.545,0699	5,0029*	0,0116	0,1006
Efeitos parcela	1.544,8426	4,7756*	0,0116	0,1876
Efeitos de CEC	1.544,8426	4,7756*	0,0116	0,0137
Efeitos de Blocos	1.546,9381	6,8711**	0,0137	0,1059
Completo	1.540,0670			

$\chi_{1;5\%}^2 = 3,841^*$; $\chi_{1;1\%}^2 = 6,635^{**}$; ^{ns} não significativo, respectivamente.

Nas populações de cana-de-açúcar, tanto os efeitos de dominância (não aditivo) como sua aditividade dependem principalmente da frequência de alelo, de sua complementariedade e de sua divergência genética (Barbosa et al., 2005).

Com exceção da ALT e da NCM todas as características estudadas foram explicadas pela parte aditiva da variância genética (4,2256* e 3,9169* respectivamente para MTT e M1CT), corroborando os achados de outros trabalhos recentemente realizados (Bastos, 2003; Barbosa et al., 2005; Oliveira et al., 2008). Outros trabalhos (Hogarth et al., 1981; Atkin et al., 2009) também demonstram características que possuem a parte aditiva tão importante quanto à parte não aditiva, o que é o caso das características ALT e NCM apresentadas no Quadro 3.

Como foram encontrados valores que permitem a seleção de famílias visando a todas as características no estudo, no Quadro 4 encontra-se o *ranking* das melhores famílias com seus respectivos valores genotípicos. Com base no PEV (Quadro2) da cada característica estudada, foi traçada uma linha no Quadro 4 a fim de diferenciar as dez melhores famílias de cana-de-açúcar das demais.

Para MTT, as dez primeiras famílias foram respectivamente F57M46, F75M70, F47M31, F60M19, F66M30, F78M45, F41M64, F04M14, F13M17 e F41M21, as quais apresentaram elevado valor genotípico. Se esse valor for usado para avançar com essas dez famílias nas próximas fases de seleção do PMGCA/UFPR/RIDESA podemos afirmar que, em média, estaríamos aumentando essa característica em 13,8400% (7,6836 kg). Considera-se como família superiora aquela a cuja média relativa (%) gerada pela seleção das mesmas acrescentam-se valores acima de zero (Jackson e McRae, 1998). Como o inverso é verdadeiro, foram desconsideradas as famílias que tiveram médias relativas de $V_{gc} \leq 0$, por isso no Quadro 4 estão listadas somente as famílias superiores.

Assim se poderiam usar para MTT as 37 primeiras famílias, pois estaríamos esperando um ganho relativo na seleção dessas famílias da ordem de 6,4119% (média das 37 famílias superiores) em relação à média experimental (6,7493 kg).

As outras características analisadas teriam para M1CT as dez primeiras famílias (F04M14, F05M68, F62M35, F10M29, F13M17, F60M19, F14M08, F19M29, F27M56 e F60M10 respectivamente), o que aumentaria nas próximas fases do programa de melhoramento, em 5,4013% (0,7173 kg), e na média relativa das 34 famílias superiores haveria uma superioridade de 2,6311% (0,6990 kg) sobre a média experimental (0,6811 kg).

Quadro 4. Classificação (Class), valores genotípicos (Vgc) e média geral das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05, para as características massa total da touceira (MTT), massa média de 1 colmo na touceira (M1CT), altura (ALT) e número médio de colmos por metro quadrado (NCM). Paranaíba, PR. 2011

Class	MTT (kg)		M1CT (kg)		ALT (m)		NCM	
	Família	Vgc	Família	Vgc	Família	Vgc	Família	Vgc
1	F57M46	7,9469	F04M14	0,7527	F57M46	1,8451	F57M46	1,6037
2	F75M70	7,9131	F05M68	0,7379	F60M16	1,7365	F60M16	1,5625
3	F47M31	7,8974	F62M35	0,7327	F60M43	1,7257	F60M43	1,5567
4	F60M19	7,8373	F10M29	0,7201	F60M19	1,7256	F60M19	1,5296
5	F66M30	7,7315	F13M17	0,7128	F34M02	1,7229	F34M02	1,5247
6	F78M45	7,5843	F60M19	0,7091	F47M31	1,7137	F47M31	1,5217
7	F41M64	7,5124	F14M08	0,7045	F41M64	1,7075	F41M64	1,5160
8	F04M14	7,5068	F19M29	0,7035	F60M10	1,7044	F60M10	1,5125
9	F13M17	7,4810	F27M56	0,7030	F14M08	1,7031	F14M08	1,5095
10	F41M21	7,4255	F60M10	0,7024	F78M45	1,7001	F78M45	1,5029
11	F35M06	7,3414	F15M14	0,7024	F66M30	1,6998	F23M76	1,5007
12	F03M33	7,2595	F70M30	0,7008	F75M70	1,6974	F60M71	1,4992
13	F41M82	7,2486	F41M82	0,6982	F04M14	1,6830	F67M37	1,4918
14	F70M30	7,1991	F26M65	0,6979	F44M02	1,6817	F70M30	1,4855
15	F34M02	7,1702	F66M30	0,6975	F41M48	1,6791	F17M35	1,4838
16	F41M48	7,1656	F30M36	0,6959	F41M47	1,6788	F78M45	1,4785
17	F30M36	7,1645	F82M01	0,6953	F62M35	1,6646	F01M39	1,4757
18	F60M43	7,1513	F34M02	0,6950	F41M60	1,6644	F56M70	1,4727
19	F60M71	7,1477	F17M25	0,6932	F41M22	1,6635	F60M43	1,4690
20	F46M07	7,1227	F60M16	0,6928	F61M38	1,6625	F41M48	1,4632
21	F82M01	7,0089	F57M46	0,6915	F41M21	1,6602	F57M12	1,4597
22	F57M12	6,9969	F70M48	0,6907	F82M01	1,6597	F44M02	1,4551
23	F17M35	6,9738	F10M51	0,6906	F41M53	1,6575	F46M07	1,4538
24	F11M69	6,9604	F14M82	0,6892	F70M30	1,6571	F17M25	1,4393
25	F27M56	6,9181	F78M45	0,6892	F56M70	1,6563	F41M20	1,4392
26	F56M70	6,8948	F47M31	0,6883	F01M24	1,6552	F48M41	1,4390
27	F60M16	6,8754	F75M70	0,6875	F70M48	1,6549	F41M82	1,4288
28	F44M02	6,8748	F26M55	0,6867	F57M12	1,6547	F41M60	1,4278
29	F01M39	6,8704	F54M07	0,6853	F15M14	1,6534	F82M01	1,4236
30	F67M37	6,8673	F57M12	0,6850	F54M07	1,6426	F48M70	1,4220
31	F23M76	6,8566	F41M48	0,6846	F26M65	1,6416	F04M14	1,4189
32	F15M14	6,8554	F41M21	0,6840	F14M22	1,6404	F11M69	1,4108
33	F05M68	6,8264	F41M60	0,6831	F70M56	1,6398	F70M56	1,4081
34	F62M35	6,8021	F01M24	0,6827	F60M52	1,6378	F41M53	1,4060
35	F70M75	6,7866	F41M22	†	F30M36	1,6326	F45M78	1,4052
36	F26M65	6,7804	F41M64	†	F67M37	1,6316	F60M52	1,4051
37	F17M25	6,7799	F60M43	†	F40M74	1,6304	F04M40	1,3976
38	F41M60	†	F14M22	†	F02M77	1,6278	F13M17	1,3936
Média		6,7493		0,6811		1,6241		1,3927

†: Valores desconsiderados, pois ficaram abaixo das respectivas médias experimentais.

Para ALT, tem-se com a seleção de famílias um acréscimo de aproximadamente 6,4267% (1,7285 m) com as dez melhores famílias (F57M46, F60M16, F60M43, F60M19, F34M02, F47M31, F41M64, F60M10, F14M08 e F78M45 respectivamente) nas próximas etapas do programa, e na média relativa se

tem um acréscimo de 3,2047% (1,6761 m), valor esse vindo das 38 melhores famílias em relação à média experimental (1,6241 m).

Para a característica NCM, foi encontrado (Quadro 4) um ganho de aproximadamente 10,1422% (1,5340) com o uso das dez primeiras famílias (F75M70, F47M31, F41M64, F57M46, F70M75, F66M30, F35M06, F60M19, F03M33 e F41M21 respectivamente), e na média relativa das 38 melhores famílias, um aumento de 5,4227% (1,4683) sobre a experimental (1,3938).

O fato de nas quatro características avaliadas ter havido respectivamente 37, 34, 38 e 38 famílias selecionadas representou uma seleção de, respectivamente, 47,4359%, 43,5897% e 48,7179% das famílias testadas, o que corresponde a 47,1154% na média das quatro variáveis estudadas. Esses resultados são confirmados por outros autores (Cox et al., 2000; Oliveira et al., 2008).

Nota-se que nem todas as famílias selecionadas no Quadro 4 estão na mesma posição ao mesmo tempo para todas as características estudadas. Por exemplo, a família F04M14 está na 8ª posição para MTT, na 1ª posição para M1CT e na 13ª para ALT, e para NCM ela não apareceu no *ranking* das melhores famílias (Quadro 4). Para os melhoristas isto se torna um problema de ordem prática, pois se essa família estivesse sendo selecionada para avançar nas próximas fases do programa de melhoramento genético, ela iria incrementar os valores para MTT, M1CT e ALT, mas não iria contribuir para o aumento dos valores de NCM, ou até mesmo os faria decair.

O que os melhoristas buscam são famílias que estejam, pelo menos, presentes ao mesmo tempo entre as famílias selecionadas em todas as características estudadas. Exemplos seriam as famílias F60M19 (Quadro 4), presente entre as dez primeiras em todas as quatro características avaliadas, e a F57M46 (Quadro 4), a melhor colocada para MTT, ALT e NCM, mas em 21º lugar para M1CT.

Para solucionar esse problema utiliza-se um índice de seleção (Baker, 1986), o qual, mesmo que não se conseguindo ter o ganho genético na próxima fase de seleção ao considerar tal família em apenas uma característica, consegue-se obter ganhos genéticos, muitas vezes menores, mas para todas as características estudadas ao mesmo tempo (Wells e Kofoid, 1986).

No Quadro 5 estão as melhores famílias de cana-de-açúcar ordenadas pelo índice de seleção clássico (Smith 1936, Hazel, 1943) padronizados pelos valores aditivos de cada famílias. Nesse estudo foi considerado o mesmo peso para as quatro características.

Quadro 5. Ranking baseado no índice clássico para as 4 características estudadas (MTT, M1CT, ALT e NCM) para as 78 famílias de cana-de-açúcar da Série RB05. Paranaíba, PR. 2011

Ordem	Famílias	Índice	Ganho (%)	Ordem	Famílias	Índice	Ganho (%)
1	F57M46	0,0641	14,7925	36	F41M53	0,0559	4,3817
2	F04M14	0,0618	12,7565	37	F41M47	0,0558	4,2639
3	F47M31	0,0614	11,8548	38	F04M40	0,0558	4,1488
4	F75M70	0,0613	11,3542	39	F14M82	0,0556	4,0346
5	F41M64	0,0609	10,8875	40	F74M40	0,0556	3,9242
6	F60M19	0,0605	10,4665	41	F17M35	0,0556	3,8170
7	F78M45	0,0604	10,1475	42	F70M48	0,0555	3,7136
8	F70M30	0,0601	9,8452	43	F60M16	0,0555	3,6128
9	F62M35	0,0601	9,5968	44	F70M56	0,0555	3,5157
10	F66M30	0,0600	9,3788	45	F48M70	0,0554	3,4225
11	F34M02	0,0592	9,0692	46	F17M25	0,0554	3,3309
12	F15M14	0,0588	8,7633	47	F61M38	0,0553	3,2395
13	F46M07	0,0582	8,4201	48	F11M69	0,0553	3,1509
14	F41M82	0,0582	8,1214	49	F41M60	0,0551	3,0603
15	F60M71	0,0580	7,8427	50	F60M10	0,0550	2,9685
16	F41M48	0,0579	7,5897	51	F59M50	0,0548	2,8758
17	F82M01	0,0579	7,3612	52	F01M39	0,0547	2,7830
18	F35M06	0,0578	7,1520	53	F46M73	0,0546	2,6910
19	F13M17	0,0577	6,9545	54	F44M02	0,0546	2,6000
20	F41M21	0,0577	6,7763	55	F41M22	0,0546	2,5117
21	F27M56	0,0576	6,6091	56	F32M56	0,0543	2,4196
22	F60M43	0,0575	6,4487	57	F02M77	0,0543	2,3299
23	F05M68	0,0573	6,2839	58	F10M29	0,0543	2,2431
24	F57M12	0,0571	6,1177	59	F46M28	0,0540	2,1512
25	F30M36	0,0570	5,9600	60	F14M22	0,0539	2,0579
26	F14M08	0,0567	5,7925	61	F58M46	0,0538	1,9640
27	F70M75	0,0567	5,6333	62	F40M74	0,0537	1,8702
28	F03M33	0,0565	5,4769	63	F49M75	0,0537	1,7793
29	F56M70	0,0564	5,3238	64	F19M29	0,0535	1,6868
30	F60M52	0,0564	5,1788	65	F67M02	0,0533	1,5929
31	F23M76	0,0563	5,0402	66	F41M20	0,0532	1,4977
32	F01M24	0,0562	4,9036	67	F10M51	0,0532	1,4047
33	F54M07	0,0560	4,7651	68	F48M41	0,0531	1,3118
34	F67M37	0,0559	4,6307	69	F45M78	0,0528	1,2136
35	F26M65	0,0559	4,5026	70	F26M55	0,0526	1,1142

Nota: o restante das famílias não foi apresentado, pois o ganho (%) foi muito próximo a zero, não colaborando para as próximas fases de seleção.

O Quadro 5 mostra que, ao selecionar a família F57M46, por exemplo, estaríamos incrementando em 14,7925% os valores de MTT, M1CT, ALT e NCM ao mesmo tempo. Esse valor (14,7925%) é menor se considerarmos somente o desempenho da F57M46, isoladamente, para MTT (17,7440%) ou para NCM

(15,1504%), por exemplo, quando comparamos seu ganho com a respectiva média da característica estudada (Quadro 4).

Mesmo obtendo valores menores de ganhos (%) para as próximas fases, os melhoristas não teriam tal problema de selecionar famílias superiores em uma característica, mas esta seria inferior em outra característica.

4.1.4. CONCLUSÕES

As características avaliadas apresentaram alta magnitude na acurácia seletiva das famílias, ficando seus valores entre 0,7933 e 0,8873.

Ao selecionar famílias foi possível obter incrementos significativos - variando de 2,63 a 13,84% - nas quatro características estudadas para as próximas fases do programa de melhoramento genético.

Nas características MTT e M1CT a variação genética foi explicada pela parte aditiva, enquanto que para ALT e NCM grande parte dessa explicação esteve tanto na parte aditiva quanto na parte não aditiva.

Usando-se o índice clássico de seleção foram obtidos ganhos genéticos para as próximas fases do programa de melhoramento entre 14,79 e 1,11%, para as quatro características estudadas.

4.1.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARRUDA, P. Perspective of the sugarcane industry in Brazil. **Tropical Plant Biology**, 4:3-8, 2011.
- ATKIN, F.C.; DIETERS, M.J.; STRINGER, J.K. Impact of depth of pedigree and inclusion of historical data on the estimation of additive variance and breeding values in a sugarcane breeding program. **Theoretical and Applied Genetics**, 119:555-565, 2009.
- BAKER, R.J. **Selection indices in plant breeding**. Florida, CRC Press, 1986. 218p.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.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**, 4:218-226, 2004.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 5:443-450, 2005.
- BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BURNQUIST, W.L.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, F.L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, 62:199-206, 2003.
- BRESSIANI, J.A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. Piracicaba: Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz, 2001. 104p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- COX, M.; HOGARTH, M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, M.; ALLSOPP, P. (Eds.). **Manual of cane growing**. Brisbane, Australia: PK Editorial Service, 2000. p.91-108.
- DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution in sugarcane. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane Improvement Through Breeding**. Amsterdam, Netherlands: Elsevier Press, 1987. p. 7-84.

DILLEWIJN, C.V. **Botany of sugarcane**. Waltham. The Chronic Botanic. 1952. 371p.

FURLANI, R.C.M.; MORAES, M.L.T.; RESENDE, M.D.V.; FURLANI JÚNIOR, E.; GONÇALVES, P.S.; VALÉRIO FILHO, W.V.; PAIVA, J.R. Estimation of variance components and prediction of breeding values in rubber tree breeding using the REML/BLUP procedure. **Genetics and Molecular Biology**, 28:271-176, 2005.

GALLO D.; NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; CARVALHO, R.P.L.; BATISTA, G.C.; BERTI FILHO, E.; PARRA, J.R.P.; ZUCCHI, R.A.; ALVES, S.B.; VENDRAMIM, J.D.; MARCHINI, L.C.; LOPES, J.R.S; OMOTO, C. **Entomologia Agrícola**, Piracicaba-SP. FEALQ. 2002. 920p.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, 28:476-490, 1943.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, 31:423-447, 1975.

HILL, W.G.; CABALLERO, A.; DEMPFLER, L. Prediction of response to selection within families. **Genetics Selection Evolution**, 28:379-383.

HOGARTH D.M.; WU K.K.; HEINZ D.J. Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross design. **Crop Science**, 21:21-25, 1981.

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

JACKSON, P.A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, 92:277-290, 2005.

KENNEDY, B.W.; SORENSEN, D.A. Properties of mixed-model methods for prediction of genetic merit. In: WEIR, B.S.; EISEN, E.J.; GOODMAN, M.M.; NAMKOOG, G. (Eds.). **Second international conference on quantitative genetics**. Sunderland, UK: Sinauer Associates, 1988. p.91-103.

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

LITTELL, R.C. Analysis of unbalanced mixed model data: A case study comparison of ANOVA versus REML/GLS. **Journal of Agricultural Biological and Environmental Statistics**, 7:471-490, 2002.

LONGO, V.A.; MATSUOKA, S. **Manual de caracterização: Morfologia e Condução de experimentos**. Piracicaba, SP: PLANALSUCAR, 1984. 204p.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetics Selection Evolution**, 23:67-83, 1991.

OAKEY, H.; VERBYLA, A.; PITCHFORD, W.; CULLIS, B.; KUCHEL, H. Joint modeling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. **Theoretical and Applied Genetics**, 113:809-819, 2006.

OAKEY, H.; VERBYLA, A.P.; CULLIS, B.R.; WEI, X.; PITCHFORD, W.S. Joint modeling of additive and non-additive (genetic line) effects in multi-environment trials. **Theoretical and Applied Genetics**, 114:1319-1332, 2007.

OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; RESENDE, M.D.V.; ZENI NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, 9:269-274, 2008.

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

PEEL, M.C.; FINLAYSON, B.L.; McMAHON, T.A. Updated world map of the Köppen-Geiger climate classification. **Hydrology and Earth System Sciences**, 11:1633-1644, 2007.

PRADO, H. **Solos do Brasil**. 4.ed. Piracicaba, SP: H. do Prado, 2005. 281p.

PROCÓPIO, S.O.; SILVA, A.A.; VARGAS, L.; FERREIRA, F.A. **Manejo de plantas daninhas na cultura da cana-de-açúcar**. Viçosa-MG, Editora UFV. 2003. 150p.

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 41:421-429, 2006.

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

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

ROTT, P.; BAILEY, R.A.; COMSTOCK, J.C.; CROFT, B.J. SAUMTALLY, A.S. **A guide to sugarcane diseases**. CIRAD Publications Service, Montpellier, France. 1994. 339p.

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

SILVA, C.M.; VIDIGAL M.C.G.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SCAPIM, C.A.; DAROS, E.; SILVÉRIO, L. Genetic diversity among sugarcane clones (*Saccharum spp.*). **Acta Scientiarum-Agronomy**, 27:315-319, 2005.

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

WELLS, W.C.; KOFOID, K.D. Selection indices to improve an intermating population of spring wheat. **Crop Science**, 26:1104-1109, 1986.

4.2. **Capítulo II: SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E DE GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) POR MEIO DE MODELOS MISTOS EM ANÁLISE CONJUNTA DE DUAS SAFRAS**

RESUMO

ZENI NETO, Hugo. *D.Sc.* Universidade Estadual de Maringá, dezembro 2011. **Seleção de famílias de cana-de-açúcar e de genitores (*Saccharum spp.*) por meio de modelos mistos em análise conjunta de duas safras.** Orientador: Pedro Soares Vidigal Filho. Professores Conselheiros: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bessalho Filho.

Na atualidade os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar de todo o mundo têm utilizado a prática de seleção de famílias nas primeiras fases iniciais do processo. Tal fato decorre de que nas fases iniciais do melhoramento as características avaliadas apresentam baixos valores de herdabilidade. O presente estudo teve por objetivo selecionar por meio de modelos mistos (REML/BLUP) as melhores famílias das 78 existentes que compõem a Série RB05, fase T1, do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar (PMGCA) da RIDESA/UFPR. Os experimentos, conduzidos nos anos agrícolas 2007/08 e 2008/09, em Paranavaí – PR, foram implementados utilizando-se do delineamento em blocos incompletos com cinco repetições de cada família. A parcela experimental foi constituída de um indivíduo. As características avaliadas foram °Brix (BRIX), tonelada de colmo por hectare (TCH) e tonelada de °Brix por hectare (TBH). A análise conjunta dos dados obtidos dessas três características nos dois anos agrícolas propiciou a seleção de 35 a 41 famílias. As cinco melhores foram: para BRIX as famílias F41M60, F02M77, F41M82, F61M38 e F62M35; para TCH, as famílias F66M30, F35M06, F78M45, F70M30 e F57M46; e para TBH, as famílias F66M30, F35M06, F78M45, F70M30 e F01M39. A análise conjunta também favoreceu a seleção dos melhores genitores. Nessa seleção, os cinco genitores mais bem colocados foram: para BRIX, os genitores RB835486, SP91-1049, SP80-3280, RB925211 e RB72454; para TCH, os genitores IAC87-3396, RB941531, RB855511, RB915141 e RB957689; e para TBH, os genitores elites foram IAC87-3396, RB855511, RB957689, RB941531 e RB855563.

Palavras-chave: REML/BLUP conjunta, acurácia, índice de seleção.

ABSTRACT

ZENI NETO, Hugo. *D.Sc.* Universidade Estadual de Maringá, december 2011. **Selection of families and genitors of sugarcane (*Saccharum spp.*) through the mixed model analysis in combination of two crops.** Professor adviser: Pedro Soares Vidigal Filho. Committee members: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bessalho Filho.

At present, the breeding programs of sugarcane from all over the world, have used the practice of families selection in the first stages of breeding. This is due that in the early stages of the breeding the evaluated characteristics showed low heritability values. This study aimed to select by mixed models (REML/BLUP) the best families, of the 78 existing, who make up the RB05 Series, on stage T1, of the Breeding Program Sugarcane (PMGCA) of RIDESA/UFPR. The experiments, carried on during 2007/08 and 2008/09 in Paranavaí - PR were implemented using the incomplete block design with five replicates of each family. The experimental plot consisted of one individual. The characteristics evaluated were °Brix (BRIX), ton of stalk per hectare (TCH) and ton of °Brix per hectare (TBH). The joint analysis of data obtained from these three traits in both years favored the selection of 35 of 41 families, with the top five families for BRIX been F41M60, F02M77, F41M82, F61M38 and F62M35 to TCH were F66M30, F35M06, F78M45, F70M30 and F57M46 and TBH were F66M30, F35M06, F78M45, F70M30 and F01M39. The analysis also favored the selection of the best genitors, which the five best placed for the BRIX were RB835486, SP91-1049, SP80-3280, RB925211 and RB72454 to TCH were IAC87-3396, RB941531, RB855511, RB915141, and RB957689 and to TBH elites genitors were IAC87-3396, RB855511, RB957689, RB941531 and RB855563. Such were there different ordering of the best families in each crop, joint analysis proved to be a primary tool for plant breeders.

Key word: REML/BLUP joint analysis, accuracy; selection index.

4.2.1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) ocupa um destacado lugar na economia brasileira contribuindo positivamente e de forma significativa na balança comercial do país (CONAB, 2011). O Brasil atualmente é o maior produtor de cana-de-açúcar do mundo seguido por Índia, China e Tailândia (FAO, 2011), legando ao país uma alta responsabilidade no tocante à geração na quantidade e qualidade dessa matéria-prima.

No melhoramento da cana-de-açúcar a seleção das melhores cultivares era realizada pelo método de seleção massal (Mariotti et al., 1999), mas hoje em dia os programas de melhoramento vêm adotando os métodos de seleção sequencial australiana (McRae et al., 1998; Cox et al., 2000; Kimbeng e Cox, 2003) e de seleção sequencial modificada (Bressiani, 2003), uma vez que essas duas últimas utilizam informações sobre as famílias a serem selecionadas, logo elas são mais precisas que a seleção massal quando se trata de características com baixas herdabilidades ao nível individual (Simmonds, 1996).

Uma das formas utilizadas pelos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar para aumentar a produtividade é a adoção da seleção de famílias como metodologia preferencial (Calija et al., 2001). Por isso o Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do setor SucroAlcooleiro (RIDESA) vem implementando essa metodologia na primeira fase do seu programa de melhoramento (Bastos *et al.*, 2003).

Foi com base na premissa de que a seleção de indivíduos superiores será mais eficiente se for conduzida em populações de maior média ou maior frequência de alelos favoráveis (Bos e Caligari, 2007) que alguns programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no mundo têm praticado a seleção de famílias (Bressiani, 2003; Barbosa et al., 2005a), principalmente quando as características estudadas possuem maiores herdabilidades nas médias de famílias do que nas de herdabilidades individuais (Resende e Barbosa, 2005). A seleção de famílias pode ser adotada quando as características de seleção são de baixa herdabilidade, pois

quando temos pouca ou nenhuma repetição e em apenas um ambiente, o maior viés é a ocorrência dos efeitos ambientais (Stringer et al., 2011), pois esses desvios tendem a anular-se. Por isso a média fenotípica em nível de famílias é mais concordante com a média genotípica (Bressiani, 2003; Oliveira et al., 2008).

O objetivo da prática de seleção de famílias é escolher as melhores e rejeitar as piores, pois essas últimas teriam valores genéticos muito baixos (Kimbeng et al., 2000). Assim sendo, quando são selecionados os melhores indivíduos dentro das melhores famílias, é alta a probabilidade de encontrar indivíduos superiores nas últimas fases de seleção do programa de melhoramento (Kimbeng e Cox, 2003).

Dentro do procedimento de seleção de famílias, conforme Meyer (1991), a metodologia empregada é o REML/BLUP (em inglês: *Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction*), também conhecido como “*modelos mistos*”, pois propicia maior precisão e a possibilidade de uso em experimentos que apresentam dados desbalanceados (Resende, 2002).

Neste contexto, uma estratégia otimizada para a seleção seria esta ser feita por meio dos valores genotípicos preditos pelo BLUP individual (BLUPI), o qual busca ao mesmo tempo informações de famílias e do indivíduo (Resende, 2002). Em cana-de-açúcar esse método é pouco praticado, devido à dificuldade de obter os dados de cada indivíduo, pois geralmente os experimentos com essa cultura que visam à seleção de genótipos são compostos, principalmente nas primeiras fases de seleção, por um número muito grande de indivíduos (Stringer et al., 2011).

Resende e Barbosa (2006) implementaram o método BLUP Individual Simulado (BLUPIS), o qual tem a predição dos efeitos genotípicos com base em BLUP e, simultaneamente, maneja de forma dinâmica o número de indivíduos selecionados em cada família superior. Em seus estudos Resende e Barbosa (2006) demonstraram que o BLUPIS encontra-se altamente correlacionado com o BLUP, sendo indicado para a cultura da cana-de-açúcar por ser uma metodologia operacionalmente mais fácil de ser implementada.

Devido à inópia de trabalhos em que se considerem duas safras da mesma população de cana-de-açúcar, este trabalho teve como objetivos: i) selecionar as melhores famílias de cana-de-açúcar oriundas da Série RB05 (República Brasil), na

primeira fase (T1) do PMGCA/UFPR/RIDESA por meio da metodologia REML/BLUP em duas colheitas (de forma conjunta); ii) estimar seus componentes de variância além dos seus valores genéticos; e iii) selecionar ainda os genitores para as próximas séries de cruzamentos da RIDESA/UFPR.

4.2.2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos de campo constituíram-se de um total de 78 famílias de irmãos germanos provenientes de cruzamentos realizados na Estação Experimental da Serra do Ouro (RIDESA/UFAL), Murici (9°18'26" S e 35°55'55" W 82 m), Alagoas, Brasil, no ano de 2005 (Quadro 1).

Quadro 1. Número de cruzamentos biparentais, relação dos genitores femininos e masculinos, códigos usados para identificação dos cruzamentos utilizados no experimento de estudo de famílias compostas por irmãos germanos em cana-de-açúcar da Série RB05, Paranaíba. Paraná. 2011

Nº	Genitor feminino	Genitor masculino	Código da família	Nº	Genitor feminino	Genitor masculino	Código da família
1	RB855511	RB855156	F01M24	40	RB71114	SP91-1049	F44M02
2	RB855511	RB961530	F01M39	41	RB936001	RB965586	F45M78
3	SP91-1049	RB9364	F02M77	42	SP89-1115	RB915124	F46M07
4	RB962002	RB965921	F03M33	43	SP89-1115	RB935860	F46M28
5	RB92606	SP83-2847	F04M14	44	SP89-1115	RB735200	F46M72
6	RB92606	RB971537	F04M40	45	SP89-1115	RB855536	F46M73
7	RB92606	RB971551	F04M79	46	SP71-6949	CB45-155	F47M31
8	SP85-3877	RB961005	F05M68	47	RB947501	SP80-3280	F48M41
9	RB946022	RB925211	F09M67	48	RB947501	RB945956	F48M70
10	RB945961	RB957751	F10M29	49	RB912695	RB945065	F49M75
11	RB945961	RB956911	F10M51	50	RB925345	RB915124	F54M07
12	IAC93-7009	H83-9998	F11M69	51	RB855035	RB945956	F56M70
13	RB951015	RB957712	F13M17	52	RB915141	RB855322	F57M12
14	SP83-2847	RB855206	F14M08	53	RB915141	SP89-1115	F57M46
15	SP83-2847	L60-14	F14M22	54	RB966920	SP89-1115	F58M46
16	SP83-2847	RB72454	F14M82	55	RB945962	RB947532	F59M18
17	RB863129	SP83-2847	F15M14	56	RB945962	RB9620	F59M50
18	RB957712	RB945954	F17M25	57	RB835486	RB945961	F60M10
19	RB957712	RB93522	F17M35	58	RB835486	IAC86-2210	F60M16
20	RB931604	RB957751	F19M29	59	RB835486	RB931604	F60M19
21	Co434	RB946915	F23M76	60	RB835486	RB855127	F60M43
22	RB896342	RB961527	F26M55	61	RB835486	RB835089	F60M52
23	RB896342	RB92508	F26M65	62	RB835486	RB961539	F60M71
24	Co775	RB855035	F27M56	63	SP80-1842	RB83102	F61M38
25	IAC87-3396	RB855063	F30M36	64	RB957610	RB93522	F62M35
26	Laica98-208	RB855035	F32M56	65	RB739735	SP80-3280	F63M41
27	RB855563	SP91-1049	F34M02	66	RB941531	IAC87-3396	F66M30
28	RB93522	RB957689	F35M06	67	RB925211	SP91-1049	F67M02
29	RB971537	RB943339	F40M74	68	RB925211	SP70-1143	F67M37
30	SP80-3280	RB965911	F41M20	69	RB945956	IAC87-3396	F70M30
31	SP80-3280	RB872552	F41M21	70	RB945956	RB947501	F70M48
32	SP80-3280	L60-14	F41M22	71	RB945956	RB855035	F70M56
33	SP80-3280	SP71-6949	F41M47	72	RB945956	RB945065	F70M75
34	SP80-3280	RB947501	F41M48	73	RB943339	RB971537	F74M40
35	SP80-3280	SP70-1284	F41M53	74	RB945065	RB945956	F75M70
36	SP80-3280	RB835486	F41M60	75	RB965586	RB936001	F78M45
37	SP80-3280	RB867515	F41M64	76	RB9557	RB72454	F80M82
38	SP80-3280	RB72454	F41M82	77	RB91537	SP91-1049	F81M02
39	RB945964	SP91-1049	F42M02	78	RB72454	RB855511	F82M01

Por serem cruzamentos realizados no ano de 2005, essas famílias pertencem à Série RB05 do PMGCA/UFPR/RIDESA. Esses cruzamentos foram obtidos na forma biparental, ou seja, foram cruzamentos controlados nos quais se conhece quem são os genitores, tanto o feminino quanto o masculino.

O experimento da Série RB05 foi instalado na Estação Experimental de Paranavaí, pertencente a Universidade Federal do Paraná (EEP/UFPR), no município de Paranavaí (22°58'39" S e 52°28'11" W, 503 m), Paraná, Brasil.

Segundo a classificação climática de Köppen, o campo experimental esteve presente em uma região de clima do tipo Cfa, o qual é caracterizado como clima temperado úmido com verões quentes, com temperatura média do mês mais quente superior a 22 °C e com precipitações pluviométricas anuais entre 1.000 mm e 2.000 mm e bem-distribuída ao longo das estações (Peel et al., 2007). Os dados térmicos e pluviométricos do período em que o experimento esteve em campo encontram-se no Quadro 1A.

O plantio desse experimento foi feito sobre Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico (LVAd), o qual apresenta algumas particularidades, como acidez, baixa capacidade de troca catiônica (CTC), baixa reserva de nutrientes, adensamento genético e baixo armazenamento de água (Prado, 2005). Depois de realizada a análise físico-química do solo, foi empregado o cultivo mínimo, adubando-se a cana-planta com 500 kg·ha⁻¹ com o formulado 05-25-25 no sulco do plantio e, para cana-soca foram utilizados 600 kg·ha⁻¹ do formulado 20-0-20.

Os tratos culturais foram realizados com herbicidas e pesticidas registrados no Ministério da Agricultura e recomendados para o cultivo da cana-de-açúcar, conforme a literatura (Rott et al., 1994; Gallo et al., 2002; Procópio et al., 2003).

O campo experimental da Série RB05 possuiu 7.800 plântulas (*seedlings*) as quais foram plantados no dia 10 de fevereiro de 2006. O primeiro corte, chamado “cana planta” (Longo e Matsuoka, 1984), foi realizado em julho de 2007, mas seus dados não foram considerados. Em 2008 o segundo corte, chamado de “cana soca” (Longo e Matsuoka, 1984), foi efetuado no mês de julho, enquanto que o terceiro corte, chamado de “soca 2”, foi realizado em agosto de 2009. Assim, somente essas duas Safras (a primeira no ano agrícola 2007/2008 e a segunda em 2008/2009) é

que foram consideradas nesse trabalho. Todas as colheitas foram efetuadas manualmente com o uso do facão, amontoando-se a palha nos carregadores, e os colmos da cana-de-açúcar não foram queimados.

O delineamento experimental usado nesse experimento foi o de Blocos Incompletos (Shen et al., 1992), com cinco repetições de cada família. A bordadura nas laterais, as duas primeiras e as duas últimas touceiras foram desconsideradas. Cada parcela experimental foi composta por dois sulcos de plantios de 5 m de comprimento cada, com espaçamento entre si por 1,40 m e espaçamento entre as plantas de 0,50 m, contendo 10 *seedlings* por sulco de plantio, o que resultou num total de 20 indivíduos por repetição de cada família.

Por ocasião da colheita, foram obtidas as características: °Brix (BRIX), tonelada de colmo por hectare (TCH), e tonelada de BRIX por hectare (TBH).

O BRIX foi obtido com o auxílio de um refratômetro de campo e obtiveram-se as leituras diretas em °Brix do caldo do colmo. Originaram-se para cada *seedling* três amostragens, sendo os colmos amostrados de forma aleatória. A primeira medição foi feita no terço inferior do colmo, a segunda no terço médio e a terceira no terço superior. Ao final considerou-se o valor médio das três amostragens em cada indivíduo (Longo e Matsuoka, 1984).

A produção de colmo por hectare (TCH) foi obtida referente à equação:

$$TCH = \left(\frac{MTT \cdot 10}{ESP_1 \cdot ESP_2} \right)$$

Em que:

MTT (massa total da touceira): foi obtida com o auxílio de um dinamômetro (kg) usado no local do experimento. Após proceder ao corte de cada touceira rente ao colo da planta foram descartados os ponteiros das plantas (segundo Dillewjin (1952); o ponteiro da cana-de-açúcar, que se situa próximo a folha +5), era submetido à pesagem.

ESP₁: Espaçamento entre linhas: 1,40 m;

ESP₂: Espaçamento entre plantas: 0,50 m;

A tonelada de °Brix por hectare (TBH) foi determinada em função de:

$$TBH = \frac{(TCH \cdot BRIX)}{100}$$

Os dados obtidos foram submetidos à análise de máxima verossimilhança restrita (REML) e de melhor preditor linear não viciado (BLUP) sob o emprego do Modelo 39, do *software* SELEGEN (Resende, 2007a).

O Modelo 39 é adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênie de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados e híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento que se conheçam o pai e a mãe (Resende, 2007a), com a respectiva equação:

$$y = X_r + Z_a + W_{idl} + T_f + Q_b + S_{ial} + \varepsilon$$

Em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumido como fixo) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumido como aleatório), idl é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos com as safras (assumido como aleatório), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (assumido como aleatório), b é o vetor dos efeitos dos blocos (assumido como aleatórios), ial é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com as safras (assumido como aleatório), ε é o vetor de erros ou resíduos (assumido como aleatório). As letras maiúsculas (X , Z , W , T , Q , S) representam as matrizes de incidência, respectivamente, para cada um dos referidos efeitos.

As médias e variâncias desse modelo têm as seguintes distribuições e estruturas:

$$y|r, V \sim N(Xr, V);$$

$$a|A\sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2);$$

$$idl|I_{idl}\sigma_{idl}^2 \sim N(0, I_{idl}\sigma_{idl}^2);$$

$$f|I_f\sigma_f^2 \sim N(0, I_f\sigma_f^2);$$

$$b | \sigma_b^2 \sim N(0, I \sigma_b^2);$$

$$ial | \sigma_{ial}^2 \sim N(0, I \sigma_{ial}^2);$$

$$e | \sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2);$$

Como:

$$E = \begin{bmatrix} y \\ a \\ idl \\ f \\ b \\ ial \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ idl \\ f \\ b \\ ial \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZA\sigma_a^2 & Wl\sigma_{idl}^2 & Tl\sigma_f^2 & Ql\sigma_b^2 & Sl\sigma_{ial}^2 & l\sigma_e^2 \\ A\sigma_a^2 Z' & A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ l\sigma_{idl}^2 W' & 0 & Wl\sigma_{idl}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ l\sigma_f^2 T' & 0 & 0 & Tl\sigma_f^2 & 0 & 0 & 0 \\ l\sigma_b^2 Q' & 0 & 0 & 0 & Ql\sigma_b^2 & 0 & 0 \\ l\sigma_{ial}^2 S' & 0 & 0 & 0 & 0 & Sl\sigma_{ial}^2 & 0 \\ l\sigma_e^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & l\sigma_e^2 \end{bmatrix},$$

logo,

$$V = Var(y) = ZA\sigma_a^2 Z' + Wl\sigma_{idl}^2 W' + Tl\sigma_f^2 T' + Ql\sigma_b^2 Q' + Sl\sigma_{ial}^2 S' + l\sigma_e^2;$$

sendo que A é a matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos nesse estudo.

Portanto,

$$Cov(a, idl')=0; Cov(a, f')=0; Cov(a, b')=0; Cov(a, ial')=0; Cov(a, e')=0;$$

$$Cov(idl, f')=0; Cov(idl, b')=0; Cov(idl, ial')=0; Cov(idl, e')=0;$$

$$Cov(f, b')=0; Cov(f, ial')=0; Cov(f, e')=0; Cov(b, ial')=0; e Cov(b, e')=0$$

As equações do modelo misto foram:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T & X'Q & X'S \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T & Z'Q & Z'S \\ W'X & W'Z & W'W + l\lambda_2 & W'T & W'Q & W'S \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + l\lambda_3 & T'Q & T'S \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'T & Q'Q + l\lambda_4 & Q'S \\ S'X & S'Z & S'W & S'T & S'Q & S'S + l\lambda_5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{a} \\ \hat{idl} \\ \hat{f} \\ \hat{b} \\ \hat{ial} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \\ Q'y \\ S'y \end{bmatrix}$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{idl}^2 - \hat{c}_f^2 - \hat{c}_b^2 - \hat{c}_{ial}^2}{\hat{h}_a^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_{idl}^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{idl}^2 - \hat{c}_f^2 - \hat{c}_b^2 - \hat{c}_{ial}^2}{\hat{c}_{idl}^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_f^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{idl}^2 - \hat{c}_f^2 - \hat{c}_b^2 - \hat{c}_{ial}^2}{\hat{c}_f^2};$$

$$\lambda_4 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_b^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{idl}^2 - \hat{c}_f^2 - \hat{c}_b^2 - \hat{c}_{ial}^2}{\hat{c}_b^2};$$

$$\lambda_5 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_{ial}^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2 - \hat{c}_{idl}^2 - \hat{c}_f^2 - \hat{c}_b^2 - \hat{c}_{ial}^2}{\hat{c}_{ial}^2};$$

tal que:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{idl}^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{ial}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é o estimador da herdabilidade individual no sentido}$$

restrito;

$$\hat{c}_{idl}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{idl}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{idl}^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{ial}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é o estimador do coeficiente de determinação}$$

dos efeitos da interação de dominância de família (CEC) de irmãos germanos com as safras;

$$\hat{c}_f^2 = \frac{\hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{idl}^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{ial}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é o estimador do coeficiente de determinação dos}$$

efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) ou coeficiente de determinação de dominância de família de irmãos germanos;

$$\hat{c}_b^2 = \frac{\hat{\sigma}_b^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{idl}^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{ial}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é o estimador do coeficiente de determinação dos}$$

efeitos do bloco;

$$\hat{c}_{ial}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ial}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{idl}^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{ial}^2 + \hat{\sigma}_e^2}; \text{ é o estimador do coeficiente de determinação}$$

dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos (CGC) com as safras;

$\hat{\sigma}_a^2$: é o estimador da variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_{idl}^2$: é o estimador da variância da interação dos efeitos de dominância (CEC) com safras;

$\hat{\sigma}_r^2$: é o estimador da variância genética de dominância entre famílias (CEC) de irmãos germanos ou variância da CEC;

$\hat{\sigma}_b^2$: é o estimador da variância entre blocos;

$\hat{\sigma}_{ial}^2$: é o estimador da variância da interação dos efeitos genéticos aditivos com as safras;

$\hat{\sigma}_e^2$: é o estimador da variância do erro ou residual.

Para obter as estimativas dos componentes de variância (REML) pelo algoritmo EM (*Expectation – Maximization*) foram obtidos os seguintes estimadores iterativos:

$$\hat{\sigma}_e^2 = (y'y - \hat{r}'X'y - \hat{a}'Z'y - i\hat{d}l'W'y - \hat{t}'T'y - \hat{b}'Q'y - i\hat{a}l'S'y) / N - r(x);$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 tr(A^{-1}C^{22})] / q_1;$$

$$\hat{\sigma}_{ial}^2 = [i\hat{d}l'i\hat{d}l + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{33})] / q_2;$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = [\hat{f}'\hat{f} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{44})] / q_3;$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{55})] / q_4;$$

$$\hat{\sigma}_{ial}^2 = [i\hat{a}l'i\hat{a}l + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{66})] / q_5;$$

em que:

C^{22} , C^{33} , C^{44} , C^{55} e C^{66} derivam de C^{-1} ,

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} & C_{15} & C_{16} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} & C_{25} & C_{26} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} & C_{35} & C_{36} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} & C_{45} & C_{46} \\ C_{51} & C_{52} & C_{53} & C_{54} & C_{55} & C_{56} \\ C_{61} & C_{62} & C_{63} & C_{64} & C_{65} & C_{66} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} & C^{15} & C^{16} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} & C^{25} & C^{26} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} & C^{35} & C^{36} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} & C^{45} & C^{46} \\ C^{51} & C^{52} & C^{53} & C^{54} & C^{55} & C^{56} \\ C^{61} & C^{62} & C^{63} & C^{64} & C^{65} & C^{66} \end{bmatrix},$$

tal que:

C é a matriz dos coeficientes das equações do modelo;

tr é o traço matricial;

r(x) é o posto da matriz X;

N é o número total de dados;

q₁, q₂, q₃, q₄ e q₅ são, respectivamente, o número total de indivíduos, o número total de indivíduos vezes a interação com a CEC, o número total de indivíduos vezes o número de famílias, o número total de indivíduos vezes o número de blocos e o número total de indivíduos vezes a interação com a CGC.

A estimativa de variância de dominância entre as famílias é igual ao componente de variância associada com a CEC, dada pelo estimador $\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_d^2/4$, ou seja, $\hat{\sigma}_f^2$ corresponde a 1/4 da variância genética de dominância total na população em questão.

Foi estimada também a herdabilidade média da família através de:

$$\hat{h}_{fam}^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\left(\frac{\hat{\sigma}_e^2 + (\hat{\sigma}_a^2/2)}{n^{\circ} rep} \right) + \hat{\sigma}_p^2};$$

A variância genotípica entre famílias é dada pela fórmula:

$$\hat{\sigma}_p^2 = (\hat{\sigma}_a^2/2) + \hat{\sigma}_{fam}^2;$$

A variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV):

$$(PEV) = (1 - \hat{h}_{fam}^2) \hat{\sigma}_p^2;$$

O desvio padrão do valor genotípico predito (SEP) é:

$$(SEP) = \sqrt{PEV};$$

A acurácia seletiva entre famílias:

$$A_{fam} = \sqrt{\hat{h}_{fam}^2};$$

O coeficiente de variação genética ($CV_{gi} \%$):

$$CV_{gi}(\%) = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\mu_g} \right) \cdot 100 ;$$

sendo que:

μ_g : é a média geral

O coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$):

$$CV_e\% = \left[\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2 + \left(\frac{\hat{\sigma}_{blocos}^2}{n^{\circ} blocos} \right)}}{\mu_g} \right] 100 ;$$

E o coeficiente de variação relativa (CVr):

$$CV_r = CV_{gi}\% / CV_e\%$$

Para verificar a significância no contexto dos modelos mistos através de REML usa-se um teste conhecido como ANADEV (em inglês: DEVIANCE). Nesse contexto a análise de DEVIANCE é análoga a ANAVA (em inglês: ANOVA) quando se trata de dados desbalanceados (Resende, 2007b).

$$D(y) = -2 \left[\log\{p(y | \hat{\theta}_0)\} - \log\{p(y | \hat{\theta}_s)\} \right]$$

A equação acima, $\hat{\theta}_0$ é referente aos valores ajustados dos parâmetros do modelo e $\hat{\theta}_s$ denota os parâmetros ajustados para todo o modelo ("modelo completo") (McCullagh e Nelder, 1989). Como esses dois conjuntos são funções implícitas das observações de y o modelo pode ser reduzido a: $D(y) = -2\log(L)$ em que L é a função de verossimilhança residual. Depois de testadas as diferenças entre os modelos com e sem efeitos tem-se a razão de verossimilhança (LR), para depois tornar-se o teste da razão de verossimilhança (LRT) confrontando-se os valores obtidos com o teste χ^2 com 1 grau de liberdade ou, alternativamente, com a mistura de distribuições com 1 grau de liberdade e com 0 (zero) grau de liberdade (Resende, 2007b).

4.2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados pelo Modelo 39 das 78 famílias da Série RB05 estão apresentados no Quadro 2.

Quadro 2. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características: °Brix, Tonelada de colmo por hectare (TCH) e Tonelada de Brix por hectare (TBH) oriundas de duas safras (cana soca e ressoca) das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da Série RB05. Paranavaí, PR, 2011

Estimadores	BRIX	TCH	TBH
$\hat{\sigma}_a^2$	0,0250	236,6251	11,4223
$\hat{\sigma}_{idl}^2$	0,0149	18,9418	0,9920
$\hat{\sigma}_b^2$	0,0416	60,9999	3,0702
$\hat{\sigma}_f^2$	0,2239	103,2292	3,7718
$\hat{\sigma}_{ial}^2$	0,0706	96,9915	5,5880
$\hat{\sigma}_e^2$	1,0369	900,1377	41,2036
\hat{h}_a^2	0,0177 ± 0,0052	0,1670 ± 0,0109	0,1702 ± 0,0108
\hat{c}_{idl}^2	0,0105	0,0134	0,0148
\hat{c}_b^2	0,0294	0,0431	0,0457
\hat{c}_f^2	0,1585	0,0729	0,0562
\hat{c}_{ial}^2	0,0500	0,0685	0,0832
\hat{h}_{fam}^2	0,5297	0,5210	0,5027
m_g	22,1423	107,7589	23,8906
\hat{s}_p^2	0,2364	221,5418	9,4830
PEV	0,1112	106,1206	4,7163
SEP	0,3334	10,3015	2,1717
Ac_{fam}	0,7278	0,7218	0,7090
$CV_{gi}(\%)$	2,1958	13,8126	12,8898
$CV_e(\%)$	4,6034	27,8892	26,9183
CV_r	0,4770	0,4953	0,4788

Nota: ($\hat{\sigma}_a^2$: estimador da variância genética aditiva), ($\hat{\sigma}_{idl}^2$: estimador da variância da interação da CEC com as safras), ($\hat{\sigma}_b^2$: estimador da variância entre blocos), ($\hat{\sigma}_f^2$: estimador da variância da CEC), ($\hat{\sigma}_{ial}^2$: estimador da variância da interação dos efeitos aditivos com as safras), ($\hat{\sigma}_e^2$: estimador da variância residual), (\hat{h}_a^2 : estimador da herdabilidade individual no sentido restrito), (\hat{c}_{idl}^2 : estimador do coeficiente de determinação dos efeitos da CEC com as safras), (\hat{c}_b^2 : estimador do coeficiente de determinação dos efeitos de blocos), (\hat{c}_f^2 : estimador coeficiente de determinação dos efeitos da CEC), (\hat{c}_{ial}^2 : estimador do coeficiente de determinação dos efeitos da interação da aditividade com as safras) (\hat{h}_{fam}^2 : estimador da herdabilidade média entre famílias), (m_g : média geral), (\hat{s}_p^2 : estimador da variância genotípica entre famílias), (PEV: estimador da variância do erro de predição dos valores genotípicos), (SEP: estimador do desvio padrão do valor genotípico predito), (Ac_{fam} : acurácia

seletiva entre famílias), ($CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética), ($CV_e\%$: coeficiente de variação ambiental), (CV_r : coeficiente de variação relativa).

De acordo com a classificação descrita por Resende (2002) a herdabilidade pode ser considerada como de baixa magnitude quando $\hat{h}_a^2 < 0,15$, a média magnitude fica entre $0,15 < \hat{h}_a^2 < 0,50$ e alta magnitude quando $\hat{h}_a^2 > 0,50$. Assim as três características estudadas apresentaram herdabilidade no sentido restrito praticamente igual à zero (0,0090; 0,0264 e 0,0255 para BRIX, TCH e TBH respectivamente), logo se pode inferir que elas mesma são altamente influenciadas pelo ambiente (Quadro 2). Mesmo que de forma conjunta, esses resultados estão de acordo com outros encontrados na literatura (Barbosa et al., 2004; Oliveira et al., 2008), os quais foram analisados somente em uma safra.

Outros autores (Barbosa et al., 2005b, Oliveira et al., 2008), estudando a seleção de famílias de cana-de-açúcar pela metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, também estimaram os parâmetros genotípicos da população em estudo e predisseram os valores genotípicos das famílias e os valores genéticos dos genitores utilizados nas hibridações utilizando dados de um ano agrícola.

Nas três características do presente estudo a herdabilidade média das famílias (\hat{h}_{fam}^2) foi maior que a herdabilidade individual, por isso se prefere o estudo de seleção de famílias ao da seleção massal (Atkin et al., 2009), como já reportada anteriormente (Quadro 2).

Outro valor predito que informa ser possível fazer a seleção de famílias é o coeficiente de variação genético ($CV_{gi}\%$) (Quadro 2). Segundo Resende, (2002) valores de $CV_{gi}\%$ acima de 10% já possibilitam encontrar resultados satisfatórios dentro da seleção, por haver grande variabilidade genética dentro das famílias em estudo. Conforme o Quadro 2, foram 13,8126 e 12,8898 respectivamente os valores de $CV_{gi}\%$ para TCH e TBH. Isso sugere que dentro da população em estudo existe variabilidade genética suficiente para a seleção dos melhores indivíduos dentro das famílias superiores.

No caso da característica BRIX isso não foi possível, pois nesta se obteve $CV_{gi} \%$ de apenas 2,1958% (Quadro 2). Tal fato pode dever-se a que, talvez, os genitores oriundos desses cruzamentos provavelmente possuam uma base genética muito estreita entre si para a referida característica, isto é, que sejam genitores muito semelhantes em °Brix, ficando sempre com os valores dessa característica muito próximos uns dos outros. Resultados semelhantes a esses, envolvendo uma colheita, foram encontrados por Daniels e Roach, (1987); Jackson, (2005); Silva et al., (2005). Ainda no Quadro 2 pode-se constatar que a variância aditiva (σ_a^2) para TCH e TBH foi muito superior a variância não aditiva (σ_f^2). Pelo teste da DEVIANCE (Quadro 3), esses resultados superiores não foram significativos, o que evidencia, que numa seleção conjunta envolvendo a colheita de dois anos agrícolas, a parte de dominância é tão importante quanto a parte da não dominância, o que faz que uma não sobressaia à outra.

Quadro 3. Resultados da análise de ANADEV (DEVIANCE) para as características BRIX, TCH e TBH oriundas de duas safras (cana soca e ressoca) para as 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05. Paranavaí, PR. 2011

BRIX	DEVIANCE	χ^2	σ_a^2	h_g^2
Efeitos aditivos (CGC)	10.264,6872	0,0039 ^{ns}	0,0250	0,3314
Efeitos CEC x Safras	10.265,0055	0,3222 ^{ns}	0,0209	0,3381
Efeitos de CEC	10.291,6605	26,9772 ^{**}	0,4187	0,1477
Efeitos de Blocos	10.285,8715	21,1882 ^{**}	0,0265	0,3354
Efeitos aditivos (CGC) x Safras	10.267,9895	3,3062 ^{ns}	0,0575	0,3209
Completo	10.264,6833			
TCH	DEVIANCE	χ^2	σ_a^2	h_g^2
Efeitos aditivos (CGC)	53.134,7699	1,8449 ^{ns}	236,6267	0,0725
Efeitos CEC x Safras	53.132,9417	0,0167 ^{ns}	226,0687	0,0751
Efeitos de CEC	53.136,6489	3,7239 ^{ns}	437,4210	0,0487
Efeitos de Blocos	53.141,4496	8,5246 ^{**}	228,0944	0,0738
Efeitos aditivos (CGC) x Safras	53.128,9497	3,9753 [*]	307,5573	0,0750
Completo	53.132,9250			
TBH	DEVIANCE	χ^2	σ_a^2	h_g^2
Efeitos aditivos (CGC)	37.369,6062	1,8697 ^{ns}	11,4213	0,0592
Efeitos CEC x Safras	37.367,7243	0,0122 ^{ns}	10,7559	0,0621
Efeitos de CEC	37.370,2969	2,5604 ^{ns}	18,3324	0,0410
Efeitos de Blocos	37.376,2882	8,5517 ^{**}	10,8368	0,0607
Efeitos aditivos (CGC) x Safras	37.363,5772	4,1593 [*]	15,3393	0,0625
Completo	37.367,7365			

$\chi_{1;5\%}^2 = 3,841^*$; $\chi_{1;1\%}^2 = 6,635^{**}$; ^{ns} não significativo, respectivamente.

Em análises individuais envolvendo um ano agrícola alguns autores já elucidaram também esse acontecimento (Bastos et al., 2003) ao afirmarem que a

capacidade específica de combinação (CEC) é tão importante quanto à capacidade geral de combinação (CGC) para a realização de cruzamentos visando as características de importância econômica para o melhoramento da cana-de-açúcar.

Pela análise conjunta foi detectada alta significância na CEC (26,9772**) da característica BRIX (Quadro 3). Esse fato demonstra que para essa característica a parte da dominância é mais importante quanto à parte da aditividade.

Esse assunto ainda é muito discutido entre os melhoristas de cana-de-açúcar, pois o efeito genético, seja ele aditivo ou não aditivo, depende de propriedades genéticas como a frequência de alelos, a complementaridade e a divergência genética (Barbosa et al., 2005b). Outros autores (Mariotti et al., 1999; Bressiani, 2001; Bressiani et al., 2002; Barbosa et al., 2004; Barbosa et al., 2005b, Oliveira et al., 2008) demonstraram que a parte genética aditiva é superior à parte não aditiva (CEC).

Por outro lado, Bastos et al. (2003) demonstraram que os efeitos da CEC para algumas características (TCH e TBH) foram maiores. Detalhe importante a ser ressaltado é que todos esses autores evidenciaram esses resultados oriundos de uma colheita apenas.

Como houve indícios que é plausível as seleções de famílias de forma conjunta, no Quadro 4 encontra-se o *ranking* das famílias superiores para as três características estudadas.

Para a característica BRIX, das 78 famílias totais no experimento foram selecionadas 41 famílias elites (Quadro 4), e para TCH e TBH foram 35 famílias selecionadas para cada característica.

O valor (μ_{sel}) é a média das famílias selecionadas, logo, BRIX teve 22,6099; TCH teve 125,2895 e TBH obteve 27,3143 (Quadro 4). Com isso, ao selecionar essas famílias e levá-las para a segunda fase do PMGCA, conhecida como T2, espera-se que a média experimental suba de 22,1423 para 22,6099 para BRIX, que se eleve de 107,7589 a 125,2895 para TCH e para TBH haja a elevação da média de 23,8906 para 27,3143 (Quadro 4).

Quadro 4. Classificação (Clas.) das melhores famílias (Fam.) baseadas nos valores genotípicos (Vg) oriundas de duas safras (cana soca e rессoca), das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, Série RB05 para BRIX, TCH e TBH. Paranavaí, PR. 2011

Clas. ⁽¹⁾	Fam.	Vg	BRIX ⁽²⁾	Fam.	Vg	TCH ⁽²⁾	Fam.	Vg	TBH ⁽²⁾
1	F41M60	22,8495	22,8495	F66M30	142,1479	142,1479	F66M30	30,0174	30,0174
2	F02M77	22,7929	22,8212	F35M06	135,4721	138,8100	F35M06	28,9705	29,4939
3	F41M82	22,7751	22,8058	F78M45	132,4759	136,6986	F78M45	28,8530	29,2803
4	F61M38	22,7654	22,7957	F70M30	130,0716	135,0419	F70M30	28,5212	29,0905
5	F62M35	22,7158	22,7798	F57M46	129,0698	133,8475	F01M39	27,6660	28,8056
6	F14M08	22,6988	22,7663	F82M01	124,2127	132,2417	F82M01	27,4144	28,5738
7	F57M12	22,6880	22,7551	F01M39	123,6679	131,0168	F34M02	27,2372	28,3828
8	F67M37	22,6358	22,7402	F34M02	122,9922	130,0138	F67M37	27,2192	28,2374
9	F01M39	22,6109	22,7258	F17M35	122,2922	129,1558	F17M35	26,8315	28,0812
10	F44M02	22,6063	22,7139	F67M37	122,1917	128,4594	F13M17	26,8311	27,9562
11	F60M52	22,6027	22,7038	F30M36	120,9334	127,7752	F01M24	26,5691	27,8301
12	F27M56	22,5827	22,6937	F13M17	120,0236	127,1293	F57M46	26,3662	27,7081
13	F70M30	22,5367	22,6816	F01M24	119,3167	126,5283	F30M36	26,2596	27,5967
14	F13M17	22,5312	22,6708	F75M70	117,8840	125,9108	F75M70	25,8126	27,4692
15	F70M48	22,5292	22,6614	F60M19	116,3510	125,2735	F57M12	25,7946	27,3576
16	F46M28	22,4861	22,6505	F57M12	115,8392	124,6839	F17M25	25,6048	27,2480
17	F60M16	22,4758	22,6402	F17M25	115,8219	124,1626	F60M19	25,5721	27,1494
18	F04M79	22,4654	22,6305	F67M02	115,3517	123,6731	F67M02	25,5698	27,0617
19	F42M02	22,3954	22,6181	F03M33	113,9853	123,1632	F45M78	25,4175	26,9752
20	F41M48	22,3846	22,6064	F23M76	113,9140	122,7007	F60M52	25,3544	26,8941
21	F01M24	22,3816	22,5957	F60M71	113,8662	122,2801	F23M76	25,2406	26,8154
22	F80M82	22,3538	22,5847	F70M75	113,5083	121,8813	F60M71	25,1422	26,7393
23	F67M02	22,3495	22,5745	F45M78	112,5121	121,4740	F03M33	25,0116	26,6642
24	F10M51	22,3472	22,5650	F74M40	112,4267	121,0970	F74M40	24,9231	26,5917
25	F09M67	22,3469	22,5563	F60M52	112,2857	120,7446	F70M75	24,7480	26,5179
26	F11M69	22,3334	22,5477	F46M07	111,2014	120,3775	F41M82	24,7051	26,4482
27	F60M43	22,3250	22,5395	F41M21	111,0458	120,0319	F60M43	24,5406	26,3775
28	F56M70	22,3062	22,5311	F48M70	110,3814	119,6872	F41M21	24,4005	26,3069
29	F32M56	22,2894	22,5228	F05M68	110,2208	119,3608	F47M31	24,3530	26,2396
30	F59M18	22,2735	22,5145	F41M82	109,6925	119,0385	F48M70	24,2015	26,1716
31	F60M19	22,2714	22,5067	F47M31	109,3970	118,7275	F46M07	24,1242	26,1056
32	F23M76	22,2679	22,4992	F60M43	109,3880	118,4357	F80M82	24,0504	26,0413
33	F45M78	22,2523	22,4917	F04M40	108,5510	118,1361	F41M48	24,0491	25,9810
34	F41M20	22,2499	22,4846	F41M48	108,3976	117,8497	F05M68	24,0322	25,9237
35	F14M82	22,2204	22,4771	F15M14	108,2377	117,5751	F62M35	23,9871	25,8683
36	F46M73	22,2111	22,4697	-	-	-	-	-	-
37	F41M22	22,2037	22,4625	-	-	-	-	-	-
38	F75M70	22,1634	22,4546	-	-	-	-	-	-
39	F59M50	22,1521	22,4469	-	-	-	-	-	-
40	F19M29	22,1501	22,4394	-	-	-	-	-	-
41	F34M02	22,1500	22,4324	-	-	-	-	-	-
$\rho_{08/09}$		0,3451			0,4612			0,4377	
μ_{10}			22,7753			133,7433			28,7919
μ_{sel}			22,6099			125,2895			27,3143
μ_g			22,1423			107,7589			23,8906

Nota: ($\rho_{08/09}$: correlação de Pearson dos valores genotípicos entre os anos agrícolas 2007/08 e 2008/09), (μ_{10} : média das dez melhores famílias), (μ_{sel} : média oriunda das famílias selecionadas, descartando-se aquelas que não apareceram na lista).

¹ Essa classificação foi baseada na classificação oferecida pelo valor genotípico (Vg), por isso foi suprimida a presença das outras famílias até completar o ranking em 78 famílias, pois como apresentavam valores genéticos negativos, não seriam selecionadas pelos melhoristas, já que são consideradas famílias inferiores.

² Média das cinco repetições da característica, por família.

Pode-se conferir ainda no Quadro 4 que, ao se instalar a próxima fase de seleção com as dez melhores famílias (μ_{10}), poder-se-ia aumentar a média experimental para BRIX, TCH e TBH respectivamente para, 22,7753; 133,7433 e 28,7919, valores esses os quais numericamente são ganhos expressivos quando comparados apenas com a média geral (μ_g). Alguns estudos (Kimbeng et al., 2001) demonstram que famílias com valores genotípicos superiores tendem a ter grande potencial em selecionar os melhores indivíduos quando comparadas com famílias de valores inferiores. Note-se que para BRIX a possibilidade do parentesco dos genitores é muito provável, pois selecionando-se as 41 melhores famílias, este seria aumentado em cerca de 2,11% e ao selecionarmos as dez melhores famílias elevaríamos a característica na próxima fase do PMGCA em cerca de 2,86%.

A melhor família para BRIX foi a F41M60, pois obteve uma média de 22,8495 para BRIX (Quadro 4). Para as características TCH e TBH a melhor família posicionada foi a mesma, F66M30 a qual elevou TCH para 142,1479 e TBH para 30,0174 (Quadro 4).

A correlação entre as famílias elites durante as safras estudadas ($\rho_{08/09}$) 0,3451; 0,4612; 0,4377 para BRIX, TCH e TBH respectivamente (Quadro 4) indica haver uma baixa correlação entre elas. Isto permite inferir que a ordenação das melhores em uma das safras não foi necessariamente a mesma na outra safra. Provavelmente uma família superior no ano agrícola 2007/08 não tenha alcançado posição privilegiada no *ranking* do ano agrícola seguinte. Isso é indicativo da necessidade da análise conjunta entre safras, pois pode haver ordenação diferente nas famílias fazendo com que a seleção dessas não seja tão precisa.

Uma característica importante encontrada na seleção de famílias é que dificilmente se encontrará a mesma ou as mesmas famílias elites para todas as características de importância para o melhoramento da cana-de-açúcar. No presente estudo isso também aconteceu para a análise conjunta. Note-se que no Quadro 4 a melhor família para Brix (F41M60) nem sequer apareceu no *ranking* das famílias selecionadas para TCH e TBH, pois se fosse selecionada a F41M60 para TCH e TBH a média experimental dessas duas características decresceria. Resultados, oriundos de um ano agrícola que corroboram este fato também podem ser

encontrados nos trabalhos de outros autores (Resende e Barbosa 2006; Oliveira et al., 2008).

Como a característica TBH deriva de TCH e BRIX, era esperado que as mesmas famílias que foram selecionadas para a primeira o fossem também para a segunda característica, e isso ocorreu, como mostra o Quadro 4, em que a maioria das famílias selecionadas em TCH foram as mesmas para TBH, com a única divergência do posicionamento no *ranking* dessa última para algumas famílias, mas mesmo assim essas famílias estão entre as famílias elites que provavelmente comporão as fases seguintes do PMGCA/UFPR/RIDESA.

A razão para que a família F41M60 esteja em primeiro para BRIX (Quadro 4) e não ser selecionada para TBH, pois a característica °Brix é responsável, junto com a TCH para a formação da característica TBH, é que provavelmente essa família foi composta por indivíduos de valores muito altos para °Brix, mas ou eram pouco produtivos (pouco pesados), ou houve desbalanceamento no número de indivíduos colhidos ao longo das repetições.

Em suma, mesmo com grande produção de °Brix, o fato de os indivíduos terem pouca massa vegetativa influenciaria diretamente a característica TBH. Esse é o motivo pelo qual algumas famílias que seriam selecionadas para BRIX não foram para TBH (Quadro 4).

A estratégia adotada pelos melhoristas nessas condições em que aparecem famílias elites para uma característica e não para outras características é tentar selecionar uma família que seja mediana para todas as características em estudo, ou seja, uma família que, mesmo não sendo as “tops” esteja na lista das selecionadas de todas as características avaliadas no PMGCA/UFPR/RIDESA simultaneamente.

Isso aconteceu nesse experimento envolvendo duas safras (Quadro 4). A família F41M82, mesmo não estando entre as dez melhores em todas as características estudadas, foi uma família que estaria sendo selecionada pelos melhoristas por figurar entre as selecionadas para as três características do estudo ao mesmo tempo (Quadro 4).

Outras duas famílias que obtiveram grande destaque foram a F67M37 e a F01M39, pois foram as únicas a figurar entre as dez melhores famílias para as três características simultaneamente avaliadas (Quadro 4). Outra família que obteve uma excelente posição foi a F70M30, a qual ficou só para BRIX em 13º lugar, enquanto para TCH e TBH ficou entre as dez famílias elites, com o 4º lugar para ambas (Quadro 4).

No Quadro 5 está o ordenamento das melhores famílias via BLUP Individual Simulado (BLUPIS) segundo metodologia proposta por Resende e Barbosa, (2006).

Observa-se no Quadro 5 que os índices de seleção de famílias para cada característica foram de 52,56%; 44,87% e 44,87% respectivamente, índices superiores ou muito próximos dos valores encontrados por outros autores em colheita referente a um ano agrícola (Cox et al., 2000; Oliveira et al., 2008).

Se não morresse nenhum *seedlings* e assim fossem selecionados todos os 100 indivíduos (20 indivíduos por repetição) de cada família, a seleção conteria 7.800 indivíduos elites. Sendo assim, houve a seleção de 841 (10,78%) indivíduos para BRIX, seguidos de 500 (6,41%) e 565 (7,24%) indivíduos para TCH e TBH respectivamente (Quadro 5).

Novamente, esse número de indivíduos selecionados foi maior para a característica BRIX, o que permite inferir a semelhança da genética dos genitores, pois seria necessário selecionar um número maior de indivíduos para haver ganhos mais expressivos de α Brix nas fases subsequentes do PMGCA/UFPR/RIDESA, pois para TCH e TBH com menos indivíduo selecionados, pelo fato de a variabilidade genética dos genitores ser maior, provavelmente se encontrariam genótipos superiores com mais facilidade.

Os valores oriundos no Quadro 5 mostram a seguinte situação: na melhor família devem ser selecionados os 50 indivíduos para que eles contribuam positivamente nas próximas fases do PGMCA/RIDESA, e assim sucessivamente até atingir as últimas famílias selecionadas, nas quais o melhorista deve colher no campo, dentre as 50 touceiras, a melhor touceira daquela família e levá-la para a próxima fase de seleção do programa de melhoramento genético.

Quadro 5. Classificação (Clas.) das melhores famílias (Fam.) com base no efeito genotípico relativo (Gr) oriundo de duas safras (canas soca e ressoca) das 78 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar e, número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (nk) via método BLUPIS, para as BRIX, TCH e TBH. Paranavaí, PR. 2011

Clas.	BRIX			TCH			TBH		
	Fam.	Gr	nk ³	Fam.	Gr	nk	Fam.	Gr	nk
1	F41M60	1,0000	50	F66M30	1,0000	50	F66M30	1,0000	50
2	F02M77	0,9200	46	F35M06	0,8059	40	F35M06	0,8291	41
3	F41M82	0,8948	45	F78M45	0,7187	36	F78M45	0,8100	40
4	F61M38	0,8811	44	F70M30	0,6488	32	F70M30	0,7558	38
5	F62M35	0,8109	41	F57M46	0,6197	31	F01M39	0,6162	31
6	F14M08	0,7869	39	F82M01	0,4785	24	F82M01	0,5751	29
7	F57M12	0,7716	39	F01M39	0,4626	23	F34M02	0,5462	27
8	F67M37	0,6978	35	F34M02	0,4430	22	F67M37	0,5433	27
9	F01M39	0,6626	33	F17M35	0,4226	21	F17M35	0,4800	24
10	F44M02	0,6561	33	F67M37	0,4197	21	F13M17	0,4799	24
11	F60M52	0,6510	33	F30M36	0,3831	19	F01M24	0,4372	22
12	F27M56	0,6227	31	F13M17	0,3566	18	F57M46	0,4041	20
13	F70M30	0,5577	28	F01M24	0,3361	17	F30M36	0,3867	19
14	F13M17	0,5499	27	F75M70	0,2944	15	F75M70	0,3137	16
15	F70M48	0,5471	27	F60M19	0,2499	12	F57M12	0,3108	16
16	F46M28	0,4861	24	F57M12	0,2350	12	F17M25	0,2798	14
17	F60M16	0,4716	24	F17M25	0,2345	12	F60M19	0,2745	14
18	F04M79	0,4569	23	F67M02	0,2208	11	F67M02	0,2741	14
19	F42M02	0,3579	18	F03M33	0,1811	9	F45M78	0,2492	12
20	F41M48	0,3426	17	F23M76	0,1790	9	F60M52	0,2389	12
21	F01M24	0,3384	17	F60M71	0,1776	9	F23M76	0,2203	11
22	F80M82	0,2991	15	F70M75	0,1672	8	F60M71	0,2043	10
23	F67M02	0,2930	15	F45M78	0,1382	7	F03M33	0,1830	9
24	F10M51	0,2897	14	F74M40	0,1357	7	F74M40	0,1685	8
25	F09M67	0,2893	14	F60M52	0,1316	7	F70M75	0,1399	7
26	F11M69	0,2702	14	F46M07	0,1001	5	F41M82	0,1329	7
27	F60M43	0,2583	13	F41M21	0,0956	5	F60M43	0,1061	5
28	F56M70	0,2318	12	F48M70	0,0763	4	F41M21	0,0832	4
29	F32M56	0,2080	10	F05M68	0,0716	4	F47M31	0,0755	4
30	F59M18	0,1855	9	F41M82	0,0562	3	F48M70	0,0507	3
31	F60M19	0,1826	9	F47M31	0,0476	2	F46M07	0,0381	2
32	F23M76	0,1776	9	F60M43	0,0474	2	F80M82	0,0261	1
33	F45M78	0,1556	8	F04M40	0,0230	1	F41M48	0,0259	1
34	F41M20	0,1522	8	F41M48	0,0186	1	F05M68	0,0231	1
35	F14M82	0,1104	6	F15M14	0,0139	1	F62M35	0,0158	1
36	F46M73	0,0973	5	-	-	-	-	-	-
37	F41M22	0,0868	4	-	-	-	-	-	-
38	F75M70	0,0298	1	-	-	-	-	-	-
39	F59M50	0,0139	1	-	-	-	-	-	-
40	F19M29	0,0110	1	-	-	-	-	-	-
41	F34M02	0,0109	1	-	-	-	-	-	-
N_F	41	(52,56%)		35	(44,87%)		35	(44,87%)	
N_{In}	841	(10,78%)		500	(6,41%)		565	(7,24%)	

Nota: (N_F : total de famílias selecionadas e índice das famílias selecionadas entre parênteses), (N_{In} : total de indivíduos selecionados dentro das melhores famílias e índice de indivíduos selecionados)

³ $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_i) 50$ em que \hat{g}_k refere-se ao valor genotípico predito da k -ésima família e \hat{g}_i ao valor genotípico da melhor família i (família melhor colocada na classificação). O índice 50 é referente ao estudo de Resende e Barbosa, 2006.

dentro das melhores famílias entre parênteses; supondo que se todos os indivíduos de todas as famílias germinassem havendo um campo com 7.800 indivíduos).

Assim ela poderá contribuir para ganhos genéticos expressivos, pois se fossem levadas as outras touceiras desse cruzamento inferior, praticamente estas não contribuiriam nas próximas fases. Por esse motivo no Quadro 5 encontram-se somente as famílias que somariam para as próximas fases de seleção. As famílias que obtiveram valores genotípicos inferiores à média experimental foram desconsideradas, pois não contribuiriam ou até mesmo fariam decrescer os valores das características avaliadas nas etapas seguintes de seleção.

Conforme o Quadro 5, a família que teria todos os indivíduos selecionados seria a F41M60 para BRIX e a F66M30 para TCH e TBH, e as famílias que teriam o mínimo de indivíduos selecionados seriam F75M70, F59M50, F19M29 e F34M02 com um indivíduo cada para a característica BRIX; F04M40, F41M48 e F15M14 para TCH com também um indivíduo selecionado e as F80M82, F41M48, F05M68 e F62M35 com apenas um indivíduo cada selecionado para TBH (Quadro 5).

Como pode se observado nos Quadros 4 e 5, os melhoristas de cana-de-açúcar encontram um problema de ordem prática, pois fica muito laborioso selecionar uma determinada família que seja superior em todas as outras características ao mesmo tempo: ora encontram-se famílias elites em determinada característica, ora as famílias não estão presentes em outra característica avaliada.

A solução encontrada para solucionar tal obstáculo é a adoção do índice de seleção (Baker, 1986). Assim, tem-se um *ranking* único com as melhores famílias avaliadas para todas as características conjuntamente. O índice de seleção torna o trabalho do melhorista mais prático, pois mesmo uma determinada família tendo um alto ganho em uma característica e nenhum ganho em outra, ela poderá ser selecionada com um ganho relativamente mais baixo, embora esse menor valor esteja representando todas as outras características simultaneamente (Wells e Kofoid, 1986).

No Quadro 6 estão as melhores famílias de cana-de-açúcar ordenadas pelo índice de seleção clássico (Smith 1936, Hazel, 1943) padronizados pelos valores aditivos de cada famílias. Nesse estudo foi considerado o mesmo peso para as três características.

Quadro 6. *Ranking* baseado no índice clássico, oriundo de duas safras (cana soca e rессoca), para as três características estudadas (BRIX, TCH e TBH) das 78 famílias de cana-de-açúcar da Série RB05. Paranaíba, PR. 2011

Ordem	Famílias	Índice	Ganho (%)	Ordem	Famílias	Índice	Ganho (%)
1	F78M45	0,0762	6,7298	31	F45M78	0,0719	2,8508
2	F70M30	0,0758	6,4415	32	F60M16	0,0718	2,7772
3	F67M37	0,0755	6,2142	33	F80M82	0,0718	2,7078
4	F01M39	0,0754	6,0471	34	F04M14	0,0717	2,6372
5	F35M06	0,0751	5,8658	35	F56M70	0,0716	2,5702
6	F66M30	0,0748	5,6846	36	F61M38	0,0716	2,5066
7	F34M02	0,0748	5,5466	37	F03M33	0,0716	2,4434
8	F13M17	0,0746	5,4126	38	F46M28	0,0715	2,3814
9	F82M01	0,0741	5,2263	39	F47M31	0,0715	2,3220
10	F41M82	0,0739	5,0528	40	F46M07	0,0712	2,2552
11	F67M02	0,0738	4,8907	41	F02M77	0,0711	2,1889
12	F57M12	0,0737	4,7490	42	F41M53	0,0711	2,1254
13	F01M24	0,0736	4,6152	43	F70M75	0,0710	2,0620
14	F17M35	0,0736	4,4994	44	F70M48	0,0707	1,9934
15	F60M52	0,0736	4,3986	45	F05M68	0,0707	1,9261
16	F75M70	0,0735	4,3039	46	F41M64	0,0707	1,8615
17	F60M19	0,0735	4,2178	47	F46M73	0,0707	1,7985
18	F23M76	0,0729	4,0945	48	F04M40	0,0706	1,7376
19	F41M48	0,0728	3,9795	49	F09M67	0,0706	1,6777
20	F74M40	0,0727	3,8671	50	F15M14	0,0705	1,6189
21	F41M60	0,0724	3,7467	51	F11M69	0,0705	1,5620
22	F27M56	0,0723	3,6347	52	F59M50	0,0704	1,5043
23	F44M02	0,0723	3,5323	53	F40M74	0,0704	1,4486
24	F17M25	0,0722	3,4295	54	F48M41	0,0702	1,3907
25	F62M35	0,0722	3,3327	55	F60M10	0,0702	1,3342
26	F60M43	0,0721	3,2428	56	F14M82	0,0701	1,2766
27	F60M71	0,0721	3,1594	57	F42M02	0,0699	1,2172
28	F41M21	0,0721	3,0781	58	F48M70	0,0699	1,1594
29	F14M08	0,0720	3,0015	59	F57M46	0,0699	1,1023
30	F30M36	0,0720	2,9260	60	F81M02	0,0698	1,0460

Nota: o restante das famílias não foi apresentado, pois o ganho (%) foi muito próximo ou igual à zero, não colaborando para as próximas fases de seleção.

O Quadro 6 demonstra que, ao selecionar a família F78M45, esperar-se-ia um ganho de 6,7298% para BRIX, TCH e TBH na próxima fase de seleção. O índice de seleção demonstrou sua vantagem quando verificada, por exemplo, a família F70M30, a qual ficou na segunda posição, com ganhos de 6,4415% (Quadro 6). Tal família foi a quarta melhor colocada para TCH e TBH e ficou na 13ª posição para BRIX (Quadro 4). Assim o melhorista não precisa ficar procurando em qual colocação uma determinada família se encontra em cada uma das características avaliadas em um programa de melhoramento genético.

No Quadro 7 estão dispostos pela ordem decrescente dos seus valores aditivos (*a*) os melhores genitores que compuseram a Série RB05 para as três características. Foram selecionados 44 genitores para BRIX, 39 para TCH e 38 para

TBH. Os demais genitores não foram apresentados por não conseguirem contribuir com o aumento das características em estudo para os próximos cruzamentos.

Quadro 7. Classificação (Clas), baseada em valores de aditividade (a), e ganho genético (G%), oriunda de duas safras (canas soca e ressoca), para todos os genitores usados para originar a série RB05 por meio de cruzamentos biparentais, Série RB05, para BRIX, TCH e TBH. Paranaíba, PR. 2011

Clas	BRIX			TCH			TBH		
	Genitor	a	G(%)	Genitor	a	G(%)	Genitor	a	G(%)
1	RB835486	0,0711	0,32	IAC87-3396	24,6718	22,90	IAC87-3396	5,0783	21,26
2	SP91-1049	0,0515	0,28	RB941531	16,0659	18,90	RB855511	3,8198	18,62
3	SP80-3280	0,0490	0,26	RB855511	15,8639	17,51	RB957689	3,2166	16,90
4	RB925211	0,0444	0,24	RB915141	15,5221	16,73	RB941531	3,0917	15,91
5	RB72454	0,0375	0,23	RB957689	15,4517	16,25	RB855563	2,8121	15,08
6	RB855035	0,0366	0,22	RB93522	13,0064	15,56	RB93522	2,6945	14,45
7	RB9364	0,0340	0,21	RB855563	11,3603	14,84	RB915141	2,6574	13,97
8	SP80-1842	0,0330	0,20	RB957712	10,4328	14,20	RB957712	2,4531	13,51
9	RB83102	0,0330	0,20	RB936001	10,2589	13,68	RB936001	2,4392	13,14
10	RB855322	0,0319	0,19	RB965586	10,2589	13,26	RB965586	2,4392	12,85
11	RB957610	0,0311	0,19	SP70-1143	8,0907	12,74	SP70-1143	2,1462	12,50
12	RB855206	0,0302	0,18	RB925211	6,6542	12,19	RB925211	1,6762	12,04
13	RB855511	0,0278	0,18	RB945956	5,9998	11,68	RB961530	1,6076	11,63
14	SP70-1143	0,0256	0,17	RB961530	5,8114	11,23	RB951015	1,4770	11,24
15	RB961530	0,0247	0,17	RB872552	5,6530	10,83	RB945956	1,3653	10,88
16	RB71114	0,0238	0,17	RB951015	5,1348	10,45	RB835486	1,2202	10,52
17	RB835089	0,0231	0,16	RB72454	4,1092	10,06	RB72454	1,1810	10,19
18	Co775	0,0229	0,16	RB835486	3,9630	9,71	RB872552	1,1589	9,89
19	RB935860	0,0218	0,16	RB962002	3,3249	9,36	Co434	0,8131	9,55
20	RB951015	0,0209	0,15	RB965921	3,3249	9,05	RB946915	0,8131	9,24
21	RB971551	0,0177	0,15	Co434	3,2868	8,76	RB835089	0,7357	8,95
22	IAC86-2210	0,0162	0,15	RB946915	3,2868	8,50	Co775	0,6774	8,67
23	RB945964	0,0124	0,14	RB961539	3,0057	8,25	RB962002	0,6752	8,42
24	RB855156	0,0122	0,14	RB855156	2,6415	8,01	RB965921	0,6752	8,18
25	RB956911	0,0112	0,13	RB971537	2,2067	7,77	RB855156	0,6624	7,97
26	RB9557	0,0105	0,13	RB945954	2,0737	7,55	RB961539	0,5528	7,75
27	IAC93-7009	0,0101	0,13	RB863129	1,9956	7,34	CB45-155	0,5125	7,54
28	H83-9998	0,0101	0,12	Co775	1,8549	7,14	RB855322	0,4958	7,35
29	RB946022	0,0099	0,12	RB835089	1,8543	6,95	RB971537	0,4318	7,16
30	RB957712	0,0090	0,12	CB45-155	1,6711	6,77	RB945954	0,4203	6,98
31	RB855127	0,0080	0,12	SP85-3877	1,3147	6,59	RB943339	0,2127	6,78
32	RB945962	0,0073	0,11	RB961005	1,3147	6,42	SP70-1284	0,1908	6,59
33	Laica98-208	0,0070	0,11	SP70-1284	0,6902	6,25	RB863129	0,1715	6,41
34	RB947532	0,0069	0,11	RB931604	0,6420	6,08	SP91-1049	0,1667	6,25
35	RB855536	0,0068	0,11	RB855063	0,6110	5,92	RB961005	0,0853	6,08
36	Co434	0,0066	0,10	RB943339	0,5905	5,77	SP85-3877	0,0853	5,92
37	RB946915	0,0066	0,10	SP89-1115	0,4144	5,63	RB855127	0,0344	5,76
38	RB931604	0,0055	0,10	RB855322	0,2326	5,49	RB931604	0,0195	5,61
39	RB965911	0,0045	0,10	RB867515	0,0673	5,35	-	-	-
40	RB965586	0,0029	0,10	-	-	-	-	-	-
41	RB936001	0,0029	0,09	-	-	-	-	-	-
42	RB93522	0,0013	0,09	-	-	-	-	-	-
43	SP83-2847	0,0008	0,09	-	-	-	-	-	-
44	RB9620	0,0003	0,09	-	-	-	-	-	-
μ_g			22,1423			107,7589			23,8906

Os resultados apresentados nos Quadros 3 e 7 evidenciam a grande vantagem da análise com modelos mistos realizada com dados das duas safras sobre as análises com uma safra. Como demonstrado no Quadro 3 a significância

na interação dos efeitos aditivos (CGC) dos genitores com as safras (3,9753* e 4,1593*) para TCH e TBH respectivamente e para BRIX mesmo não sendo evidenciada a significância, o valor ficou muito próximo do limite para se tornar significativo, faz com que a ordenação dos melhores genitores possa variar conforme as safras.

Nessa ocasião a análise conjunta demonstrou-se uma ferramenta importante para os melhoristas, pois, ao realizarem o procedimento conjunto, podem recomendar de forma mais precisa e segura quais poderiam ser os genitores responsáveis pelas próximas séries de cruzamentos do PMGCA/UFPR/RIDESA sem serem influenciados tanto por essa ordenação diferenciada.

O fato de a característica BRIX não ter sido significativa (Quadro 3), permite inferir novamente a possibilidade de os genomas dos genitores para tal característica serem de base genética mais semelhante (Ortiz e Caballero, 1989), pois, usando-se o melhor genitor colocado (RB835456), espera-se obter um ganho de apenas 0,32% (Quadro 7) nos próximos cruzamentos da RIDESA.

A proximidade dos genomas dos genitores não foi encontrada para as características TCH e TBH, porque, usando-se a cultivar IAC87-3396 objetiva-se um ganho de até 22,90% nas próximas séries de cruzamentos para TCH e espera-se um ganho de 21,26% para TBH (Quadro 7). Esses altos ganhos também podem ser vinculados com a alta variabilidade genética encontrada na população, relatada anteriormente (Quadro 2).

No caso de seleção dos melhores genitores também ocorre o evento demonstrado com a seleção das melhores famílias. Dificilmente o melhor genitor escolhido para uma característica será o mesmo para todas as características avaliadas em um programa de melhoramento genético. Isso se encontra evidenciado no Quadro 7, em que o melhor genitor para BRIX (RB835456) não apareceu nas listas dos melhores genitores para TCH e TBH, pois a sua média genotípica alcançada não seria suficiente para promover um incremento dessas duas características para os cruzamentos futuros da RIDESA.

A rotina adotada pelos melhoristas na seleção dos genitores é a mesma da adotada para seleção de famílias, ou seja, preferem-se genitores que estejam na

lista dos selecionados para as características simultaneamente, mesmo eles não sendo os primeiros colocados.

Tal ocorrência pode ser averiguada no Quadro 7, dada pelo genitor RB925211, o qual foi o 4º melhor colocado para BRIX e 12º para TCH e TBH. Logo, esse genitor deverá ser escolhido pelos melhoristas para cruzar com outros genitores para finalmente compor nova série de famílias de cana-de-açúcar do PMGCA/UFPR/RIDESA.

No Quadro 8 estão os melhores genitores para as três características em estudo. O procedimento adotado pelos melhoristas de cana-de-açúcar quanto à escolha dos melhores genitores é o mesmo do adotado para escolha das melhores famílias, portanto no Quadro 8 estão os melhores genitores cana-de-açúcar ordenados pelo índice de seleção clássico (Smith 1936, Hazel, 1943) padronizados pelos valores aditivos de cada genitor. Nesse estudo foi considerado o mesmo peso para as três características.

O Quadro 8 demonstra que ao selecionar e cruzar, por exemplo, os genitores IAC87-3396 e SP70-1143, poder-se-iam esperar ganhos na ordem de 6,379 a 7,563% para °Brix, TCH e TBH simultaneamente.

A utilização do índice de seleção, novamente mostrou ser uma indispensável ferramenta para os melhoristas de cana-de-açúcar. Por exemplo, no Quadro 8 pode-se realizar uma única leitura dos melhores genitores em vez de ter que procurá-los em cada uma das características avaliadas. Exemplo dessa situação foi o genitor RB855511, que ficou na terceira posição (Quadro 8) e ora ficou em 13ª posição (BRIX), ora em 3ª posição (TCH), ora no 2º lugar (TBH) (Quadro 7).

A ferramenta da análise conjunta é de importância para os melhoristas, pois eles podem direcionar de forma mais específica os cruzamentos para as próximas séries, o que evitaria cruzamento entre cultivares que não incrementariam ganhos de produção para as características em estudo. Por exemplo, a L60-14 e a RB735200 (usadas na família F41M22 e F46M72 respectivamente) não seriam recomendadas para nenhuma das três características estudadas nesse trabalho.

Quadro 8. *Ranking* baseado no índice clássico, oriundo de duas safras (cana soca e ressoça), para as três características estudadas (BRIX, TCH e TBH) para os 82 genitores de cana-de-açúcar que compuseram a Série RB05. Paranaíba, PR. 2011

Ordem	Genitor	Índice	Ganho (%)	Ordem	Genitor	Índice	Ganho (%)
1	IAC87-3396	0,8414	7,563	32	RB931604	0,8355	2,469
2	SP70-1143	0,8394	6,379	33	RB711114	0,8354	2,406
3	RB855511	0,8394	5,955	34	RB855063	0,8353	2,343
4	RB925211	0,8390	5,628	35	RB9364	0,8353	2,283
5	RB835486	0,8389	5,404	36	RB915141	0,8352	2,224
6	RB957712	0,8387	5,222	37	SP80-1842	0,8350	2,162
7	RB93522	0,8386	5,082	38	RB83102	0,8350	2,104
8	RB855563	0,8380	4,888	39	RB935860	0,8349	2,045
9	RB835089	0,8380	4,736	40	RB945954	0,8349	1,989
10	RB961530	0,8377	4,573	41	SP71-6949	0,8349	1,935
11	RB855322	0,8374	4,412	42	RB9620	0,8349	1,883
12	RB945956	0,8373	4,269	43	RB962002	0,8349	1,833
13	RB941531	0,8372	4,132	44	RB965921	0,8349	1,786
14	RB957689	0,8370	4,001	45	RB957610	0,8349	1,739
15	RB951015	0,8370	3,886	46	RB971537	0,8348	1,694
16	RB72454	0,8370	3,784	47	RB855536	0,8348	1,650
17	RB936001	0,8367	3,674	48	IAC86-2210	0,8347	1,607
18	RB965586	0,8367	3,576	49	SP85-3877	0,8347	1,565
19	SP91-1049	0,8366	3,480	50	RB961005	0,8347	1,525
20	Co434	0,8364	3,383	51	RB92508	0,8347	1,486
21	RB946915	0,8364	3,295	52	RB943339	0,8345	1,443
22	CB45-155	0,8364	3,214	53	RB92606	0,8343	1,397
23	SP70-1284	0,8363	3,137	54	RB945964	0,8342	1,350
24	RB855156	0,8361	3,057	55	RB863129	0,8341	1,304
25	RB855206	0,8360	2,976	56	RB915124	0,8339	1,255
26	RB872552	0,8359	2,901	57	RB957751	0,8339	1,207
27	RB855127	0,8358	2,822	58	RB961539	0,8338	1,158
28	Co775	0,8357	2,748	59	RB956911	0,8337	1,111
29	RB9557	0,8357	2,677	60	RB947501	0,8337	1,065
30	RB867515	0,8355	2,604	61	RB945065	0,8337	1,020
31	SP80-3280	0,8355	2,534	62	RB966920	0,8336	---

Nota: o restante dos genitores não foi apresentado, pois o ganho (%) foi muito próximo ou igual à zero, não colaborando para os futuros cruzamentos realizados pela RIDESA.

4.2.4. CONCLUSÕES

A análise conjunta possibilitou selecionar as melhores famílias da Série RB05, sendo para BRIX as cinco melhores famílias: F41M60, F02M77, F41M82, F61M38 e F62M35 para TCH foram as F66M30, F35M06, F78M45, F70M30 e F57M46 e, para TBH as cinco famílias elites foram F66M30, F35M06, F78M45, F70M30 e F01M39.

Com a seleção conjunta de genitores foi possível esperar ganhos genéticos que variam de 0,09% até 22,90% para as próximas fases de cruzamentos da RIDESA.

Os cinco melhores genitores para BRIX foram RB835486, SP91-1049, SP80-3280, RB925211 e RB72454, para TCH os genitores selecionados foram IAC87-3396, RB941531, RB855511, RB915141 e RB957689, e para TBH os genitores elites foram IAC87-3396, RB855511, RB957689, RB941531 e RB855563.

4.2.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ATKIN, F.C.; DIETERS, M.J.; STRINGER, J.K. Impact of depth of pedigree and inclusion of historical data on the estimation of additive variance and breeding values in a sugarcane breeding program. **Theoretical and Applied Genetics**, 119:555-565, 2009.

BAKER, R.J. **Selection indices in plant breeding**. Florida, CRC Press, 1986. 218p.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.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**, 4:218-226, 2004.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Estratégias de melhoramento genético da cana-de-açúcar em universidades. In: **IX Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas - Seleção recorrente no melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 1:43-58, 2005a.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 5:443-450, 2005b.

BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BURNQUIST, W.L.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, F.L. Análise dialéctica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, 62:199-206, 2003.

BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. 2nd ed. Springer Netherlands. 2007. 461p.

BRESSIANI, J.A.; BURNQUIST, W.L.; FUZATTO, S.R.; BONATO, A.L.; GERALDI, I.O. Combining ability in eight selected clones of sugarcane (*Saccharum spp*). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 3:411-416, 2002.

BRESSIANI, J.A.; VENCOSKY, R.; SILVA, J.A.G. Repeatability within and between selection stages in a sugarcane breeding program. **Journal American Society of Sugarcane Technologists**, 23:40-46, 2003.

CALIJA, V.; HIGGINS, A.J.; JACKSON, P.A.; BIELIG, L.M.; COOMANS, D. An operations research approach to the problem of sugarcane selection. **Annals of Operations Research**, 108:123-142, 2001.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar, Primeiro Levantamento, maio/2011** - Companhia Nacional de Abastecimento. – Brasília: Conab, 2011.

COX, M.; HOGARTH, M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, M.; ALLSOPP, P. (Eds.). **Manual of cane growing**. Brisbane, Australia: PK Editorial Service, 2000. p.91-108.

DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution in sugarcane. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam, Netherlands: Elsevier Press, 1987, p.7-84.

DILLEWIJN, C.V. **Botany of sugarcane**. Waltham. The Chronic Botanic. 1952. 371p.

FAO. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em <www.fao.org>. Acesso em 04, julho, 2011.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, 28:476-490, 1943.

JACKSON, P.A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, 92:277-290, 2005.

KIMBENG, C.A.; McRAE, T.A.; STRINGER, J.K. Gains from family and visual selection in sugarcane, particularly for heavily lodged crops in the Burdekin region. **Proceedings of the Australian Society Sugarcane Technologists**. Australian Society Sugarcane Technologists. 22:163-9, 2000.

KIMBENG, C.A.; McRAE, T.A.; COX, M.C.; STRINGER, J.K. Optimizing early generation selection in sugarcane breeding. **Proceedings of the XXIV International Society Sugarcane Technologists**. XXIV International Society Sugarcane Technologists, Brisbane, Australia. 2001. p.448-493.

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

LONGO, V.A; MATSUOKA, S. **Manual de caracterização: morfologia e condução de experimentos**. Piracicaba, SP: PLANALSUCAR, 1984. 204p.

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

McCULLAGH, P.; NELDER, J. **Generalized linear models**. 2nd edition. London, UK: Chapman and Hall, 1989, 532p.

McRAE, T.A.; ERQUIAGA, D.L.; JENSEN, L.F.; RATTEY, A.R.; STRINGER, J.K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: **Proceedings of the Australian Society of Sugarcane Technologists**. Proceedings of the Australian Society of Sugarcane Technologists, Brisbane, Australia: ISSCT, 1998. p.196-203.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetics Selection Evolution**, 23:67-83, 1991.

OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; RESENDE, M.D.V.; ZENI NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, 9:269-274. 2008.

ORTIZ, R.; CABALLERO, A. Effectiveness of early sugarcane selection procedures in Cuba. **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists**, 20:932–937, 1989.

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

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 41:421-429. 2006.

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

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 561p.

SHEN, Y.; HOERL, A.E.; MCCONNELL, W. An incomplete design in the analytic hierarchy process. **Mathematical and Computer Modelling**, 16: 121-129, 1992.

SILVA, C.M.; VIDIGAL M.C.G.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SCAPIM, C.A.; DAROS, E.; SILVÉRIO, L. Genetic diversity among sugarcane clones (*Saccharum spp.*). **Acta Scientiarum-Agronomy**, 27:315-319, 2005.

SIMMONDS, N.W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, 90:201-208, 1996.

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

STRINGER, J.K.; COX, M.C.; ATKIN, F.C.; WEI, X.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Sugar Tech**, 13: 36-41, 2011.

WELLS, W.C.; KOFOID, K.D. Selection indices to improve an intermating population of spring wheat. **Crop Science**, 26:1104-1109, 1986.

4.3. Capítulo III: DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE ACESSOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* spp.) POR MEIO DE MICROSSATÉLITES SSR

RESUMO

ZENI NETO, Hugo. *D.Sc.* Universidade Estadual de Maringá, dezembro 2011. **Diversidade genética e estrutura populacional de acessos de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) por meio de microsatélites SSR.** Orientador: Pedro Soares Vidigal Filho. Professores Conselheiros: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bepalhok Filho.

O sucesso de um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) reside na escolha de genitores que sejam produtivos, apresentem elevado rendimento industrial e sejam geneticamente divergentes. Nesse estudo foram avaliadas a divergência genética e a estrutura populacional de acessos de cana-de-açúcar que são os genitores da Série RB05 do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do setor Sucroalcooleiro (RIDESA/UFPR). O DNA de 82 acessos foi avaliado utilizando-se 36 *primers* SSR. O coeficiente de similaridade de Jaccard e o Método de Agrupamento UPGMA foram utilizados para gerar um agrupamento dividido em 17 grupos distintos oriundos de modelos probabilísticos. Os 36 *primers* evidenciaram 319 alelos, variando de 2 a 19 *loci* com uma média por *primer* de 8,86. e os valores de PIC variaram de 0,1527 a 0,9264, com uma média de 0,5705. O coeficiente de similaridade utilizado em ambos os casos demonstrou que o grau de semelhança variou de 0,4716 (RB971551 x RB965586) a 0,9526 (RB936001 x SP89-1115) com a média de 0,8536. Tal resultado evidencia elevada similaridade entre os 82 acessos analisados, confirmando o valor de F de Wright, que é igual a 0,125, o que permite inferir a existência de variabilidade genética moderada. Os cruzamentos menos similares, sugere que os melhorista busquem mais cruzamentos utilizando a cultivar RB965586, com destaque para os cruzamentos RB971551 x RB965586, RB965586 x RB855511 e RB965586 x RB863129. Os resultados demonstram, ainda, que devem ser evitados cruzamentos como RB936001 x SP89-1115, RB945954 x RB896342 e RB896342 x RB855563 por apresentar elevada similaridade genética.

Palavras-chave: conteúdo de polimorfismo, UPGMA, similaridade.

ABSTRACT

ZENI NETO, Hugo. *D.Sc.* Universidade Estadual de Maringá, december 2011. **Genetic diversity and population structure of accessions of sugarcane (*Saccharum* spp.) using microsatellite SSR markers** Professor adviser: Pedro Soares Vidigal Filho. Committee Members: Maria Celeste Gonçalves Vidigal, Carlos Alberto Scapim, Edelclaiton Daros, João Carlos Bessalho Filho.

The success of a breeding program of sugarcane (*Saccharum* spp.) lies in the choice of parents who are productive, have high industrial yield and are genetically divergent. In this study we assessed the genetic diversity and population structure of accessions of sugarcane, which are the parents of the Series RB05 of the Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) of the Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA/UFPR). The DNA of 82 accessions was evaluated using 36 primers SSR. The Jaccard similarity coefficient and UPGMA grouping method was used to generate a cluster divided into 17 different groups from using probabilistic models. The 36 primers showed 319 alleles, ranging from 2 to 19 loci with an average of 8.86 per primer. PIC values ranged from 0.1527 to 0.9264 with an average of 0.5705. The corresponding similarity coefficient used demonstrated that the degree of similarity ranged from 0.4716 (RB971551 x RB965586) to 0.9526 (RB936001 x SP89-1115) with an average of 0.8536. Such results evidence a high similarity among the 82 accessions analyzed, confirming the value of Wright's *F* equal to 0.125 which infers the existence of moderate genetic variability. The crosses less similar, suggesting that the breeder seek more crossings using cultivar RB965586, especially intersections RB971551 x RB965586, RB965586 x RB855511 and RB965586 x 863129. The results also demonstrate that crossings should be avoided as RB936001 x SP89-1115, RB945954 x RB896342 and RB896342 x RB855563 by presenting high genetic similarity.

Key words: contents of polymorphism, UPGMA, similarity.

4.3.1. INTRODUÇÃO

O açúcar e o etanol derivados da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) fazem do Brasil o país líder mundial na produção desses produtos (FAO, 2011). O consumo desses produtos dentro do mercado brasileiro subiu respectivamente 22,65 e 73,76% nos últimos quatro anos (CONAB, 2007, 2011) afirmando cada vez mais o lugar dessa cultura entre as mais importantes economicamente para o país.

A projeção do aumento do consumo nacional, e até mesmo mundial, do etanol e do açúcar, faz com que os programas de melhoramento genético busquem novas cultivares com características agronômicas e industriais desejáveis, como, por exemplo, produtividade e resistência a estresses bióticos e abióticos, para tentar suprir toda a demanda (James, 2004).

As cultivares modernas de cana-de-açúcar são derivadas de hibridações interespecíficas entre as espécies domésticas e selvagens, respectivamente, *Saccharum officinarum* ($2n = 80$) e *Saccharum spontaneum* ($2n = 40$ a 128). Ambas são altamente poliplóides (Aitken et al., 2005), tendo seu número básico de cromossomos $x = 10$ para *S. officinarum* e $x = 8$ para *S. spontaneum* (D'Hont et al., 1998).

O genoma das atuais cultivares de cana-de-açúcar é composto de aproximadamente 70 a 80% da *S. officinarum*, 10 a 20% da *S. spontaneum* e somente uns 10% são resultantes da recombinação entre essas duas espécies (D'Hont et al., 1996).

O sucesso de um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar reside na pretensão da escolha dos genitores mais ricos e geneticamente divergentes. A procura dessa diversidade dos genitores pode ser baseada na origem geográfica, características agronômicas dados de "pedigree" e dados baseados em marcadores moleculares (Melchinger, 1999).

A avaliação da diversidade genética baseada em caracteres morfológicos é muito limitada e influenciada pelos efeitos ambientais, portanto, técnicas que medem a relação genética sem qualquer influência de fatores ambientais e propriedades do

fenótipo são as necessidades dos programas de melhoramento atualmente (Singh et al., 2010). A análise de marcadores moleculares oferece uma medida eficaz de relações genéticas com base em características genéticas.

Diversos estudos moleculares têm sido feitos com o genoma da cana-de-açúcar: estudos citogenéticos, de diversidade genética, de mapeamento genético (Hoarau et al., 2001; Grivet et al., 2004; Raboin et al., 2006; Andru et al., 2011), RFLP (Silva et al., 1993; Besse et al., 1997; Benchimol et al., 2000), SSRs (Cordeiro et al., 2000, 2001, 2003; Pan, 2006; Parida et al., 2009; Tew e Pan, 2010; Kalia et al., 2011; Singh et al., 2011), RAPD (Silva et al., 2007; Nawaz et al., 2010; Zhang et al., 2010), AFLP (Hoarau et al., 2001; Selvi et al., 2005; Creste et al., 2010; McNeil et al., 2010) e DArTs (Heller-Uszynska et al., 2010).

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil, entre eles a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), estão estudando, por meio de técnicas moleculares, a divergência genética dos acessos presentes em seus bancos de germoplasma. Depois de quantificada a divergência existente de um determinado grupo de acessos, os melhoristas preferem cruzamentos entre os acessos que tenham ao mesmo tempo características desejáveis e sejam altamente divergentes para obter no campo as progênes elites e dar continuidade às próximas etapas do melhoramento genético dessa cultura.

Em estudos de divergência genética há os marcadores microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*), que são repetições em tandem de 1 a 6 nucleotídeos do DNA presentes no genoma eucariótico (Collard et al., 2005; Kalia et al., 2011). Os SSR ganharam importância considerável no melhoramento genético molecular devido aos seus atributos desejáveis, como grande variabilidade, larga distribuição genômica, herança codominante, alta reprodutividade, grande capacidade multialélica e localização cromossômica específica (Parker et al., 2002; Aitken et al., 2005; Singh et al., 2010).

O objetivo desse trabalho foi avaliar, com o uso de marcadores SSRs, a diversidade genética e estrutura populacional dos acessos de cana-de-açúcar que foram os genitores da Série RB05 do PMGCA/RIDESA/UFPR.

4.3.2. MATERIAL E MÉTODOS

Os acessos utilizados nesse trabalho, bem como os seus países de origem, estão no Quadro 1. Do total, dois acessos são de origem americana, dois de origem indiana e um acesso é originário da América Central. Os demais são brasileiros e são amplamente usados no Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA), que faz parte da RIDESA.

Quadro 1. Lista das cultivares e seus países de origem que foram usadas para análise da divergência genética e estrutura populacional. Maringá, 2011

Nº	Cul.	Or.	Nº	Cul.	Or.	Nº	Cul.	Or.
01	RB855511	Brasil	29	RB957751	Brasil	57	RB915141	Brasil
02	SP91-1049	Brasil	30	IAC87-3396	Brasil	58	RB966920	Brasil
03	RB962002	Brasil	31	CB45-155	Brasil	59	RB945962	Brasil
04	RB92606	Brasil	32	Laica98-208	Guatemala	60	RB835486	Brasil
05	SP85-3877	Brasil	33	RB965921	Brasil	61	SP80-1842	Brasil
06	RB957689	Brasil	34	RB855563	Brasil	62	RB957610	Brasil
07	RB915124	Brasil	35	RB93522	Brasil	63	RB739735	Brasil
08	RB855206	Brasil	36	RB855063	Brasil	64	RB867515	Brasil
09	RB946022	Brasil	37	SP70-1143	Brasil	65	RB92508	Brasil
10	RB945961	Brasil	38	RB83102	Brasil	66	RB941531	Brasil
11	IAC93-7009	Brasil	39	RB961530	Brasil	67	RB925211	Brasil
12	RB855322	Brasil	40	RB971537	Brasil	68	RB961005	Brasil
13	RB951015	Brasil	41	SP80-3280	Brasil	69	H83-9998	EUA
14	SP83-2847	Brasil	42	RB945964	Brasil	70	RB945956	Brasil
15	RB863129	Brasil	43	RB855127	Brasil	71	RB961539	Brasil
16	IAC86-2210	Brasil	44	RB71114	Brasil	72	RB735200	Brasil
17	RB957712	Brasil	45	RB936001	Brasil	73	RB855536	Brasil
18	RB947532	Brasil	46	SP89-1115	Brasil	74	RB943339	Brasil
19	RB931604	Brasil	47	SP71-6949	Brasil	75	RB945065	Brasil
20	RB965911	Brasil	48	RB947501	Brasil	76	RB946915	Brasil
21	RB872552	Brasil	49	RB912695	Brasil	77	RB9364	Brasil
22	L60-14	EUA	50	RB9620	Brasil	78	RB965586	Brasil
23	Co434	Índia	51	RB956911	Brasil	79	RB971551	Brasil
24	RB855156	Brasil	52	RB835089	Brasil	80	RB9557	Brasil
25	RB945954	Brasil	53	SP70-1284	Brasil	81	RB91537	Brasil
26	RB896342	Brasil	54	RB925345	Brasil	82	RB72454	Brasil
27	Co775	Índia	55	RB961527	Brasil	-	-	-
28	RB935860	Brasil	56	RB855035	Brasil	-	-	-

Nº: número; Cul.: cultivar; Or.: origem.

Segmentos de colmos de cada acesso foram cultivados em casa de vegetação do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (NUPAGRI, 23°26'15" S e 51°53'70" W, 535 m) da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Paraná, Brasil. Esses acessos foram cultivados em bandejas com substrato contendo cinco toletes de cada cultivar, as quais ficaram em condições de temperatura, umidade e irrigação controladas até as folhas atingirem aproximadamente 10 cm de comprimento.

4.3.2.1. Extração e quantificação do DNA genômico

A extração do DNA genômico foi feita a partir de folhas livres de doenças e de quaisquer manchas, jovens e imaturas. Após a brotação dos toletes, foram necessários cerca de 20 dias para que as folhas fossem colhidas, colocadas em recipientes plásticos estilo “*bag*” e devidamente identificadas. Depois elas foram acondicionadas em temperatura de -80° C.

O DNA oriundo do tecido foliar foi extraído mediante protocolo descrito por Aljanabi et al., (1999), com pequenas modificações. Inicialmente 500 mg de folhas de cada cultivar foram macerada em nitrogênio líquido em um cadinho, com o auxílio de um pistilo devidamente autoclavado e esterilizado em estufa com temperatura acima dos 100° C até virarem pó. Após a maceração o material foi transferido para tubos do tipo “*Eppendorf*” de 2,0 mL, os quais possuíam 700 µL de tampão CTAB (composição: 2% (w/v) CTAB, 20 mM EDTA, 1,4 M NaCl, 100 mM Tris-HCl (pH 8,0) e 2% (v/v) β-mercaptoethanol).

As amostras foram homogeneizadas mediante agitação por 1 min e incubadas em banho-maria por 60 min em temperatura de 65° C, sendo levemente agitadas manualmente a intervalos de 5 min.

Posteriormente, 800 µL de clorofórmio:álcool isoamílico (24:1) foram adicionados à mistura antes de esta ser centrifugada a 14.000 rpm por 15 min. Após a centrifugação a fase aquosa foi pipetada cuidadosamente para outros tubos, de 1,5 mL, autoclavados e esterilizados, para que não houvesse a contaminação com a parte sólida existente no fundo do tubo.

O volume do álcool isopropanol gelado (-20° C) foi o mesmo da fase aquosa contida nos tubos de 1,5 mL, a fim de precipitar o DNA. Após centrifugação de 10.000 rpm por 20 min a fase leitosa esbranquiçada foi lavada com etanol 70%, secada em temperatura ambiente e ressuspensa em 10 mM Tris (pH=8,0). Para não haver contaminação por RNA foi adicionado RNase (Invitrogen) aos tubos, os quais foram deixados em temperatura controlada (37° C) por três horas. Após essa etapa o DNA foi ressuspensa junto com 100 µL de tampão TE 1x.

A quantidade e a qualidade do DNA genômico foram averiguadas mediante o uso de fluorímetro QuBit™, observando-se o seguinte procedimento: 10 µL de cada amostra de DNA foram diluídos em 190 µL da amostra de trabalho contendo 199 µL de Buffer DNA BR e 1 µL de fluorófito (esse, coberto com papel alumínio). Antes de começar a leitura das amostras o fluorímetro foi calibrado com duas amostras padrões que consistia de 190 µL da amostra do trabalho e 10 µL de cada padrão. Posteriormente as amostras de DNA foram diluídas em tampão TE 0,1X de modo que as amostras de trabalho contivessem a concentração padronizada em 40 ng de DNA µL⁻¹. Após estarem devidamente quantificadas, todas as mesmas foram armazenadas em um *ultrafreezer* à temperatura de -80° C.

4.3.2.2. Iniciadores (*primers*) SSR utilizados

Para esse trabalho foram utilizados 36 *primers* (Quadro 2). A escolha desses iniciadores foi baseada no alto grau de polimorfismo e no número de alelos discriminados nesses trabalhos (Cordeiro et al., 2000; Pan, 2006; Oliveira et al., 2009; Parida et al., 2009; Singh et al., 2009). Os *primers* foram sintetizados pela Invitrogen, USA.

Quadro 2. Lista dos 36 *primers* SSR utilizados nas reações de amplificação de fragmentos de DNA. Maringá, 2011

Primer (F-R)	Motifs	Seqüência de Nucleotídeos (5'-3')	T.A. (pb)
SMC226CG	(CA) ₁₀	GAGGCTCAGAAGCTGGCAT ACCTCTATTTCCGAGTTGGT	136
SMC319CG	(CA) ₁₇	CCTTTCATCCACAGAGGACAG GGTTCACCGAAGCAAGAGAAC	183
SMC477CG	(CA) ₃₁	CCAACAACGAATTGTGCATGT CCTGGTTGGCTACCTGTCTTCA	168
SMC863CG	(TC) ₉	CGGTCGCTGTTGCATTGTAG TGGATCACTCAATCTCACTTCG	296
mSSCIR44	(GT) ₂₀	TCCCTCCTCATCACTCTG AAAATAAGCACCAAAAAGC	130-220
mSSCIR52	(GT) ₈ GC(GT) ₆ GC(GT) ₈	ACAAGGGAAGACAAATCAG ACCAAACCACAAAGCAA	120-170
mSSCIR56	(GT) ₂₄	ATTTGACGCTACGATGGTG ATCCGTTTTTTCAGCAGAGC	125-270
SMC1047HA	(GA) ₂₆	TGAGCCTAAGCCAGAAAGAAG GGAACTAATTTCTACGAGAACAC	110-170
SMC1237FL	(CA) ₆	TTCACGAACACCCACCTA GCGCCAGGTAACCTACTGAA	100-140
SMC16SA	(GA) ₁₁	GCAACCGCGTCTCATAC	90-130

Quadro 2. Cont...

SMC2017FL	(CTT) ₁₃	GAGCTTCTGATCGGCCTTC CACAAAGTGAAGATAATAGTGTCCCT	210-260
UGSM29	(AT) ₁₁	GATCCCAAATCCCTTGATCTC ACCAGTTCCTCTACGCCC	1046-169
UGSM38	(ACG) ₇	CATCCCATCCCTTGTGTC CCGAGTGATGATGTGATGT	1185-50
UGSM44	(CGC) ₇	GGGACAACATAATGTAAGTACTGATT GATAGAATGACTGGACGGAG	724-28
UGSM59	(GGC) ₇	TATGACCTTAGCATCAAGCAC GTGAACGACTCCATCGCC	500-71
UGSM94	(CTC) ₇ (CT) ₁₂	TTGAAACCACCGTAAATAAGA CTTTGCTTCCTTCGCATC	680-124
UGSM96	(AAG) ₇ (AG) ₁₁	TTGTGATTTGGTGTCTTGTG TACTTGACCCTTCTTCTTCC	516-75
UGSM117	(GCT) ₅ GCCAT..(TG)	GCCGATGGACACCTTGAC GAGGAGGTGACGGTGGAG	867-93
UGSM148	(GAA) ₅ GGGCA..(GAG) ₅	GACGCTACGGTTCATTCA GATGACTCCTTGTGGTGG	642-47
SCM10	(GTAC) ₅	CTTGACGACCCTGCTGCT AAGACCTCAACCCAGACAC	596-1104
UGSM316	(TC) ₆	ATACAAACGAAATGCTACAGG AGTTGAAATTAAGAGAACCATAACC	881-1298
SEGMS20	(TCT) ₁₁	TAAAGCCACTATCATATGCTGAC TAGTCCGGCTTAGATCTGGACT	100-900
SEGMS47	(TC) ₁₅	GGAGAATGCTGAAGAATACAAT TGCTTAGATCTGGACTAAACCT	100-1.000
SEGMS152	(ATGC) ₅	ATATCCTCTCATCTTCATCTGC GTATGATCTAGTCGTCAGGCTC	150-700
SEGMS240	(AAC) ₁₂	TGGCTCATCTATATTCACAATG CAACAAGAAAGAACACAATGAG	100-900
SEGMS1069	(AGA) ₁₀	AATGTGAATAACTAGGTGGTCC CGGGAATTCGATTTTCATGGGTTT	100-600
ESTB41	(CGA) ₈	GACTACTCTAAGCATCGTCCTC CATGGAGAGCTGGGCGACCTG	163
ESTB58	(CCA) ₆	GGCGGCGGCGAGGATGA GACGGTCCCGCTCTTGTCTTGTGTA	179
ESTB60	(TTG) ₁₀	TCCGTGAGCAAAGACAACCTGACCT AGCCGCAATGAATCCAACCTG	198
ESTB130	(CAA) ₁₃	CTCTAGCTCCGACGATGATACCTC GCCAGGTAATTATCCAGACTC	134
ESTB145	(CCT) ₅	GCTGTTGCTCACTGGTTCC GGGAAGCAAGCGAGAGCAGCAGAG	234
ESTC45	(ATTG) ₅	GAGCGGAGGCGGTTGTTGAG GCCGCCGTCGCTGGATTG	131
ESTC66	(CCGC) ₃	GATGGATCCCCGCCTACCCTACAC AGTACAGGCTGCTCTCAATCAA	152
ESTC80	(ATTC) ₃	TCTGTCATCTGTGTTTCTGTTCTG ATTCTTTCTCCCCTGTTGTGC	189
ESTC113	(ACAT) ₃	GTCGCCAGATCGTTTTCGTT CGTCCGCTAGGGCCGATTCCACTCT	288
ESTC119	(AAGC) ₄	GACTAATAGCTGAAGCCGACCAACT GGAATTAAGCTTTGCCGACACCAC	159
		GGCAGCACCTCCCCTTCACC	

Nota: T.A. (pb): tamanho dos alelos em pares de base.

A PCR foi conduzida no volume final de 20 µL por amostra contendo 5,0 µL (40 ng) de DNA; 2,5 µL de cada *primer* (*forward* e *reverse*), 12,5 µL do mix contendo 0,25 mM de dNTPs, 2,5 µL de tampão PCR 10X, 2,0mM de MgCl₂, 7,55 µL de água Milli-Q e 0,5 U de Taq polimerase em um termociclador AB (*Applied Biosystems, Inc., Foster City, CA*) da Veritti™, com os seguintes parâmetros: iniciou-se por 3 min a 94° C, seguindo-se 31 ciclos de amplificação, composto cada ciclo por 94° C por 1 minuto, temperaturas de anelamento por 1 minuto e temperatura de extensão de 72° C por 1 minuto. Ao final desses ciclos houve o processo de anelamento final, dado por 72° C a 2 min.

Após a reação completa da PCR as amostras foram armazenadas em *freezer* à temperatura de -20 °C. Posteriormente as amplificações foram conduzidas em gel de poliacrilamida não desnaturante a 10%, contendo 10 mL de Acri/Bis (29:1), 2,10 mL de glicerol, 14,72 mL de água destilada, 3,0 mL de tampão TBE 1X, 22,50 µL de TEMED e 450 µL de persulfato de amônio. A corrente elétrica gerada pela fonte de eletroforese foi de 100 v. Os géis foram visualizados com o uso do corante SYBR SAFE (Invitrogen) à 10% (v/v) em tampão TBE 0,5X por 20 min, sendo fotodocumentados pelo aparelho TRANSILUMINADOR (L. PIX) da Loccus Biotecnologia™, para posteriormente as bandas serem identificadas com o auxílio do *software* LabIMAGE (versão 1.10). Para estimação do peso molecular foram utilizados os DNA *ladder* de 100 pb e 50 pb (Invitrogen).

4.3.2.3. Estimação da diversidade genética e estrutura populacional

Os dados obtidos pelo LabIMAGE foram avaliados mediante o emprego do *software* Powermarker (Liu e Muse, 2005) versão 3.25. Esse *software* possibilitou as análises de frequência alélica por *locus*, número de alelos por *locus*, média de alelos por *locus*, média das maiores frequências alélicas e o conteúdo de polimorfismo (PIC) proposto por Anderson et al., (1993) conforme equação abaixo, em que p_{ij} é a frequência do j -ésimo alelo para o i -ésimo primer.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

Cada alelo foi marcado de forma dominante e ambos transformados em uma matriz de 1 (presença) e 0 (ausência).

A similaridade genética foi calculada entre todos pares de genótipos possíveis, usando-se o coeficiente de Jaccard (Jaccard, 1901): $S_j = A/(A+B+C)$, em que A é o número de bandas em comum nos genótipos B e C, B é o número de alelos comuns ao primeiro genótipo e C é o número de bandas exclusivas ao último genótipo.

A similaridade foi calculada como sendo o número de bandas comuns ao par de genótipos dividido pelo total de bandas marcadas para esse mesmo par de genótipos. O coeficiente de Jaccard tem a vantagem de desconsiderar a ausência conjunta de bandas na comparação de pares, portanto reduz o risco de superestimar a similaridade (Clifford e Stephenson, 1975). A técnica de agrupamento usada nesse trabalho foi a UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic average*).

Obteve-se também o coeficiente de correlação cofenética (CCC) segundo Sokal e Rohlf, (1962); Rohlf e Fisher, (1968), e a distorção entre a matriz de similaridade e a cofenética (EST e DIS respectivamente) proposta por Kruskal, (1964) sob o emprego do *software* NTSys-pc versão 2.1 (Rohlf, 1998).

O *software* Structure (Pritchard *et. al.*, 2000; Falush *et. al.*, 2003; Falush *et. al.*, 2007) versão 2.3.3 calculou a estrutura populacional dos acessos usados para inferir sobre o *k-ésimo* grupo de acessos que possuem alguma relação genética. Este cálculo foi feito com métodos bayesianos com 10.000 repetições em *burn-in* e pelo método de Monte Carlo em Cadeia de Markov (*Monte Carlo Markov Chain – MCMC*) com 100.000 repetições.

Durante as análises foi considerada sem nenhuma informação *a priori* da população além das opções “*Admixture*” e “*non-correlated allele frequencies between populations*” (Pritchard *et. al.*, 2000; Evanno *et. al.*, 2005; Ling *et. al.*, 2009).

Os dados oriundos das simulações feitas pelo *software* Structure foram para o *software* Structure Harvester (Jakobsson e Rosenberg, 2007; Earl, 2011), o qual determina se o *k-ésimo* grupo é o mais provável em relação às simulações feitas anteriormente.

A análise molecular de variância (AMOVA) (Excoffier *et. al.*, 1992) foi feita com a utilização do macro GenAlEx versão 6.41 (Peakall e Smouse, 2006; Peakall, 2007) para a qual neste trabalho foram consideradas 9.999 permutações.

O dendrograma foi realizado com o emprego dos *softwares* FREETREE (Hapl et al., 2001) com 5.000 iterações *bootstrap* e, posteriormente, visualizado no *software* TreeView (Page, 1996).

4.3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 36 *primers* propiciaram a obtenção de 319 alelos (Quadro 3), os quais foram utilizados nas análises estatísticas, e somente as bandas claras e inequívocas foram consideradas. O número de alelos variou de 2 (*loci* mSSCIR44, UGSM29, SEGMS47 e SEGMS1069) a 19 (*locus* ESTB130), com uma média por *primer* de 8,86 (Quadro 3).

Resultados similares foram encontrados por Chen et al., (2010) os quais, ao trabalharem com 20 *primers* SSR, obtiveram um total de 251 alelos com uma amplitude de 4 a 17 alelos; e por Creste et al., (2010), que utilizaram 10 *primers* SSR os quais resultaram em 5 a 15 *loci*, com uma média de 10,30 por *primer*.

Ainda no Quadro 3 observa-se que as médias das maiores frequências alélicas variaram de 0,1220 (*locus* ESTB60) a 0,9878 (*locus* UGSM29). Singh et al., (2009), ao trabalharem com o *locus* UGSM29 em cana-de-açúcar, acharam PIC de 0,80 com 13 alelos descritos. No estudo realizado por Oliveira et al., (2009), quando usaram o *locus* ESTB60, diagnosticaram também valores elevados de PIC (0,92) e alto número de alelos (19 no total) em cana-de-açúcar.

Os marcadores microssatélites são considerados como codominantes, mas, como a cana-de-açúcar é um híbrido interespecífico com alto grau de poliploidia no seu genoma, a detecção dos acessos homozigotos e heterozigotos acaba sendo dificultada, justamente porque o marcador pode localizar múltiplos alelos em um único *locus*.

Os *loci* que apresentaram maiores valores na diversidade genética foram os ESTB60, SEGMS1069 e UGSM117 com seus respectivos valores 0,9264; 0,8850 e 0,9154. Os *loci* que apresentaram os menores valores de diversidade genética foram UGSM59, ESTC66 e UGSM94, com os valores de 0,1594; 0,1612 e 0,1782 respectivamente (Quadro 3). Todos os *primers* utilizados nesse trabalho foram polimórficos.

No que se refere aos valores de PIC (Quadro 3), pode-se averiguar que os valores variaram de 0,1527 até 0,9264, com uma média de 0,5705. Esses resultados

podem ser considerados normais, segundo em Pinto et al., (2004), que encontram uma faixa de 0,28 até 0,90, com média de 0,66, mediante o uso de 30 *primers* SSR em 18 cultivares.

Quadro 3. Índices estimados de diversidade genética por *locus* avaliados em 82 cultivares de cana-de-açúcar. Maringá, 2011

Locus	Mfa	Na	DG	PIC
SMC226CG	0,5000	9	0,6901	0,6580
SMC319CG	0,4390	10	0,6975	0,6509
SMC477CG	0,8293	8	0,3073	0,3003
SMC863CG	0,6098	7	0,5586	0,5056
mSSCIR44	0,9634	2	0,7005	0,6080
mSSCIR52	0,7805	9	0,3831	0,3736
mSSCIR56	0,5854	9	0,6148	0,5848
SCM1047HA	0,9024	5	0,1814	0,1747
SMC1237FL	0,5000	12	0,6996	0,6727
SMC16SA	0,8780	7	0,2261	0,2215
SMC2017FL	0,1829	15	0,8968	0,8880
UGSM29	0,9878	2	0,2041	0,2038
UGSM38	0,9024	7	0,1835	0,1801
UGSM44	0,9512	2	0,9028	0,8085
UGSM59	0,9146	4	0,1594	0,1527
UGSM94	0,9024	3	0,1782	0,1661
UGSM96	0,2805	18	0,8483	0,8339
UGSM117	0,1341	17	0,9209	0,9154
UGSM148	0,7683	5	0,3914	0,3696
SCM10	0,6707	6	0,5134	0,4797
UGSM316	0,9634	3	0,7110	0,6970
ESTB41	0,4390	12	0,7600	0,7401
ESTB58	0,1829	15	0,8989	0,8905
ESTC66	0,9146	5	0,1612	0,1575
ESTC113	0,7439	11	0,4378	0,4281
ESTC45	0,1707	17	0,9048	0,8974
SEGMS20	0,5000	3	0,5982	0,5174
SEGMS47	0,8537	2	0,2499	0,2186
ESTB60	0,1220	18	0,9307	0,9264
ESTC80	0,1585	17	0,9087	0,9017
ESTC119	0,5366	8	0,6356	0,5901
ESTB130	0,1585	19	0,9182	0,9126
ESTB145	0,4512	12	0,7603	0,7445
SEGMS152	0,3293	11	0,7933	0,7670
SEGMS240	0,6585	7	0,5393	0,5153
SEGMS1069	0,9512	2	0,9280	0,8850
Média	0,6060	8,86	0,5943	0,5705

Mfa: maior frequência alélica; **Na:** número de alelos; **DG:** diversidade genética; **PIC:** conteúdo informativo de polimorfismo.

Costa Filho et al., (2010) encontraram amplitude de 0,34 à 0,78 com média dos 18 *primers* SSR de 0,57 por *locus* e; Singh et al., (2009) utilizaram 168 *primers*

SSR e obtiveram um PIC variando de 0,25 até 0,84, com um valor médio de 0,55 por *locus*.

Essa grande variabilidade apresentada pelo PIC demonstrou tantos valores de alta magnitude quanto valores de baixa magnitude. Este comportamento deve-se ao fato de alguns acessos apresentarem distribuição geográfica divergente, fato que já foi reportado por outros autores (Cordeiro et al., 2000; Pan, 2006 e Singh et al., 2009), em cujos trabalhos se devem considerar algumas diferenças, como, por exemplo, o fato de terem trabalhado com números maiores de *primers* e menores números de acessos, o marcador utilizado para detectar os alelos e os objetivos que colocaram em seus trabalhos.

Marcadores SSR não apresentam valores constantes, mas servem como referência para a capacidade relativa do marcador para detecção de variabilidade genética (Singh et al., 2009). Essa conclusão serve para o presente trabalho, pois o fato de mais de 90% das cultivares, neste trabalho, serem do mesmo país de origem não significa que as cultivares utilizadas em uma determinada região do país sejam as mesmas utilizadas em outra região.

Após o uso do *software Structure Harvester* (Earl, 2011) foi detectada a existência de 17 grupos por meio de modelos probabilísticos (Figura 1).

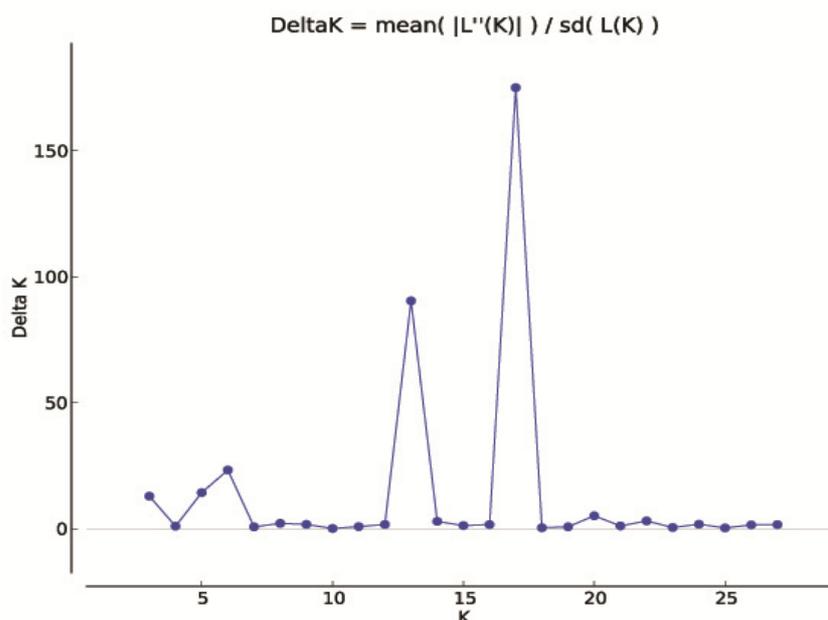


Figura 1. Número de grupos sugeridos pelo *Structure Harvester* por método probabilístico. (Evanno et al., 2005).

Na Figura 2 estão exemplificados alguns dos acessos (números de 1 a 52) utilizados nesse trabalho, além de 4 primers ESTB41 (A), UGSM96 (B), ESTB145 (C) e ESTC119 (D).

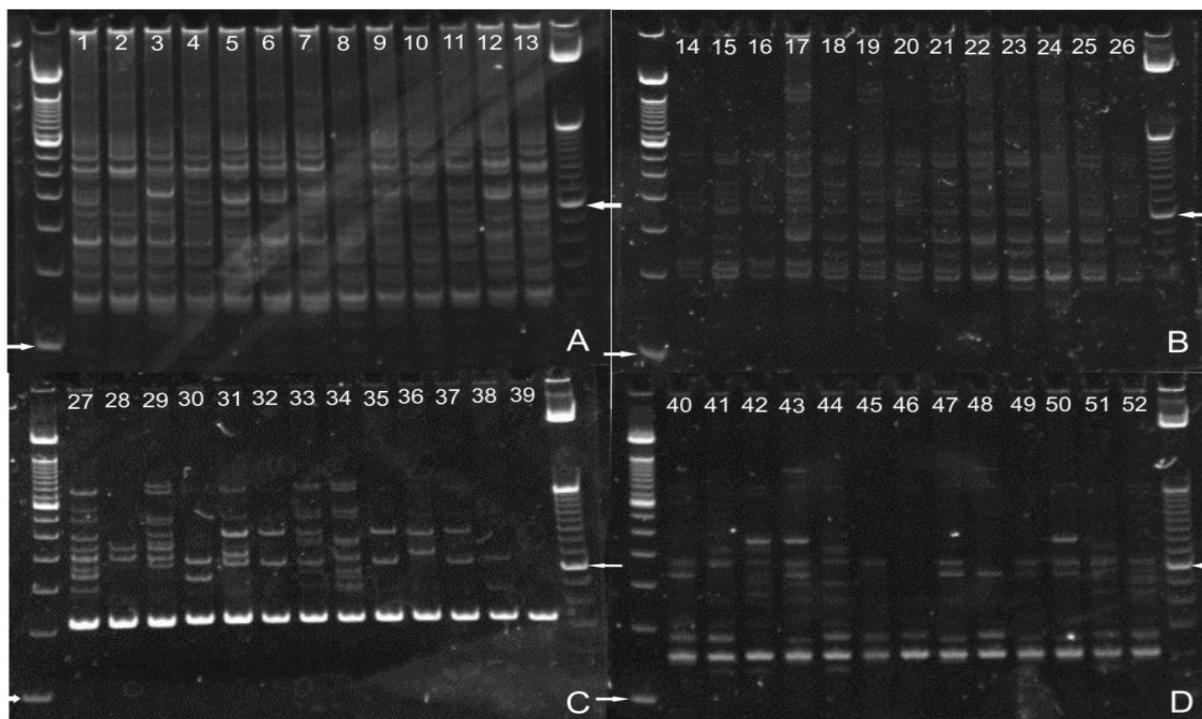


Figura 2. Exemplos das bandas dos *primers* ESTB41 (A), UGSM96 (B), ESTB145 (C) e ESTC119 (D). Primeiro e último poços, ladder de 100bp e 50bp respectivamente. A flecha no ladder de 100bp indica 100bp e a do ladder de 50bp indica 350bp. Números de 1 a 52 indicam os respectivos indivíduos do Quadro 1.

O CCC mede o grau de ajuste entre a matriz de similaridade original (S) e a matriz obtida após a utilização da técnica de agrupamento escolhida (C), ou seja, aquela em que resulta o dendrograma. Como essa relação é equivalente à correlação de Pearson, o valor encontrado 0,9524 e, o fato que a DIS ser de apenas 1,4146%, indicam que existe um grande ajuste entre as duas matrizes (S e C). O EST é uma representação da soma de quadrados dos resíduos padronizados pela técnica de agrupamento escolhida, e estima a precisão do ajuste da projeção gráfica. Nesse estudo é estimada a projeção do ajuste da matriz de similaridade no dendrograma. O EST encontrado foi de 11,9021%. Este resultado indica que, segundo a classificação de Kruskal, (1964), há boa precisão no ajuste gráfico.

Com o emprego da metodologia apresentada nos trabalhos de Mojena (1977); Atlas e Overall (1994), foi verificado que a linha de corte (TL - *Threshold Line*)

para os 17 grupos inferidos deveria ficar perto de 0,4069 (Figura 3). Com esse corte feito pode-se dizer que os grupos apresentam diferenças estatísticas entre si, cabendo agora ao melhorista destinar os cruzamentos que comporão as futuras séries RB (República Brasil).

Dentro do dendrograma podem ser vistos os números resultantes da análise via *bootstrap* (Figura 3). Esses números são lidos da seguinte maneira: quanto maiores forem, maior é a probabilidade de os indivíduos estarem naquela distância de similaridade (Davison e Hinkley, 1997); portanto a distância entre os acessos RB945954 e RB896342 tem 88% de probabilidade de ser aquela representada pelo dendrograma (Figura 3).

Existem alguns números que demonstram que a probabilidade da distância entre determinados acessos ser de baixa magnitude (Figura 3). Exemplo é a distância entre os acessos RB945954 e L60-14, a qual possui 11% de probabilidade de ser aquela distância demonstrada pelo dendrograma.

Isso pode ser explicado pelo fato de o número de *primers* utilizado nesse trabalho não ser o suficiente para caracterizar a distância pontual entre esses dois acessos ou, no genoma desses dois acessos não havia uma determinada sequência de nucleotídeos em que os 36 *primers* utilizados não poderiam anelar-se, deixando, assim, de gerar resultados que pudessem quantificar a referida distância (Koskinen et al., 2004).

A baixa probabilidade também pode ser encontrada entre os grupos (Figura 3), como no caso dos acessos que compõem o Grupo 9 (RB92508 e SP70-1143) e o Grupo 6 (representado pelo acesso RB945956), nos quais a distância tem 33% de probabilidade de ser aquela representada pelo dendrograma.

Os acessos que compõem cada grupo, o número de acessos em cada grupo e a quantidade relativa dos acessos em seus grupos podem ser vistos no Quadro 4.

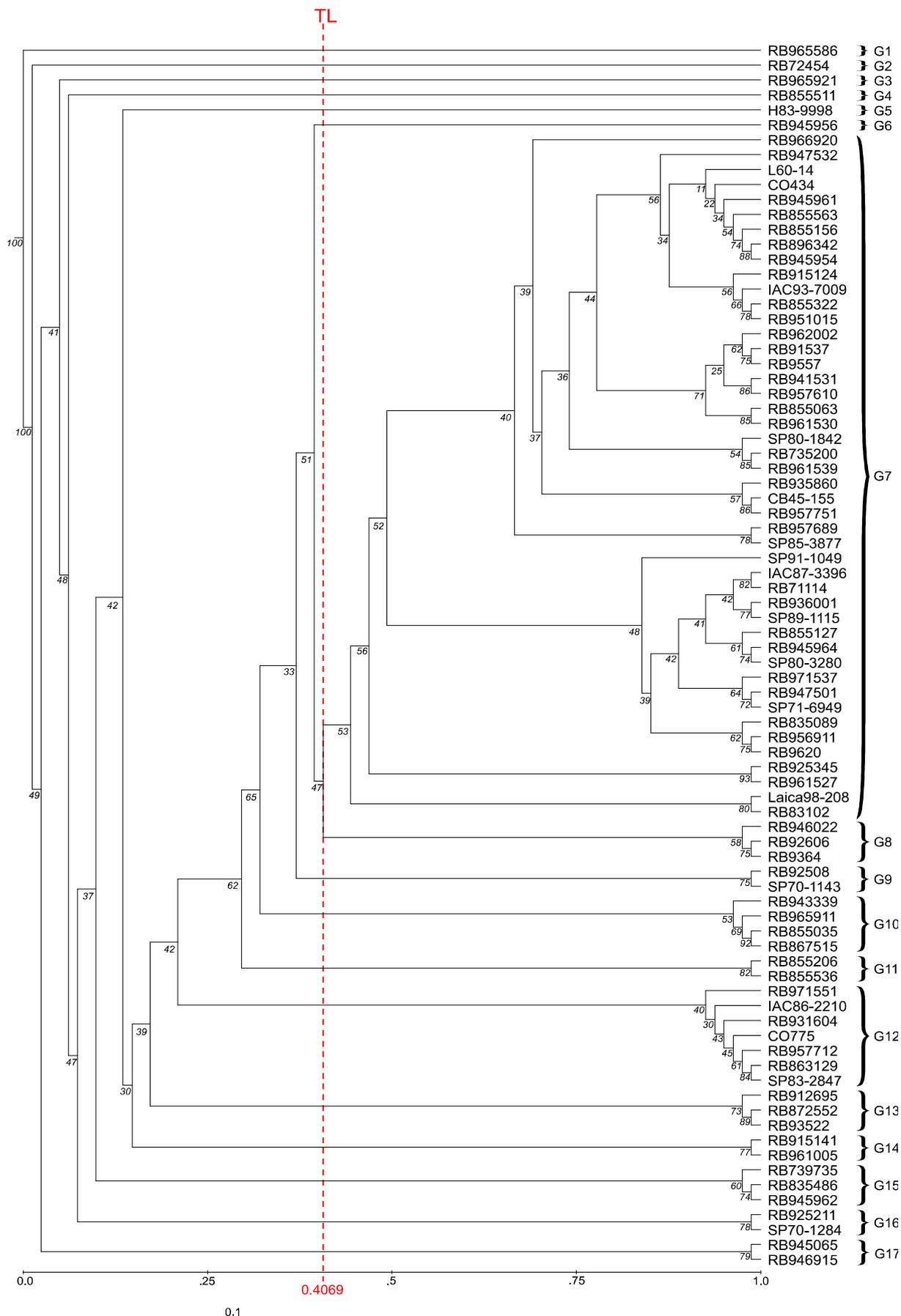


Figura 3. Dendrograma contendo os 82 acessos de cana-de-açúcar. Maringá, 2011.

O resultado da diversidade genética estimada pelos SSR pode ser vista no dendrograma (Figura 3). A distribuição dos acessos no cladograma na forma *Unrooted* por der verificada na Figura 4.

O estudo com esses 36 *primers* trouxe alguns resultados compatíveis com os encontrados em campo pelos melhoristas - por exemplo, mesmo sendo uma comparação baseada em descrição visual de características fenotípicas, eram esperados pelos melhoristas que alguns cruzamentos pertencessem ao mesmo grupo.

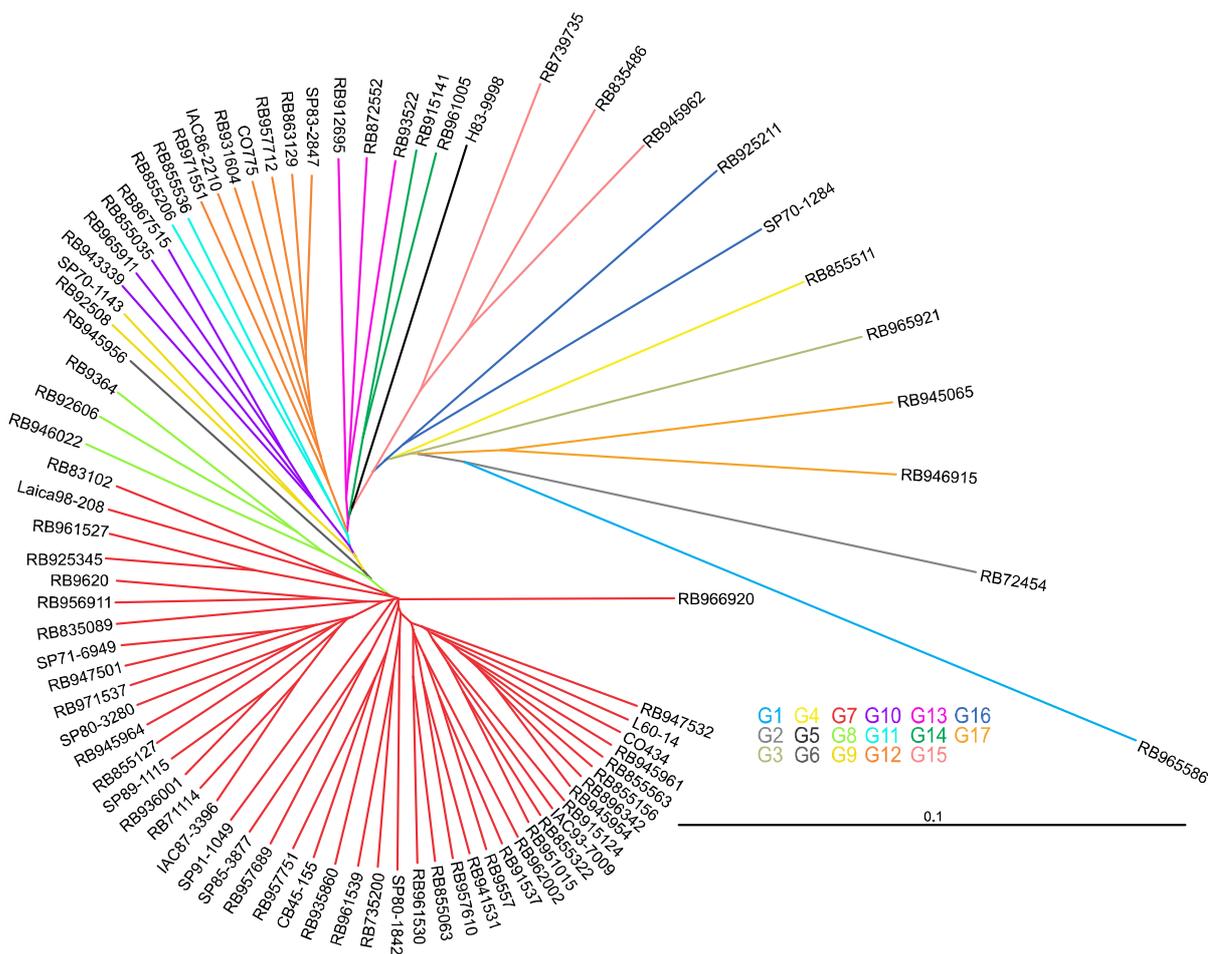


Figura 4. Cladograma indicando todos os 82 genitores de cana-de-açúcar da Série RB05 dentro dos seus respectivos grupos. Maringá, 2011.

Exemplo desse fato é o acesso RB966920 e o RB855156 estarem no mesmo grupo (Grupo 7), pois a RB966920 é filha da RB855156 (Figura 5A), por isso era esperado que ficassem no mesmo grupo. Outro exemplo seria o caso da

RB915124 e da RB896342, ainda dentro do grupo 7, pois essas duas cultivares possuem a mesma mãe em comum, a cultivar TUC71-7 (Figura 5B). Outra situação que os melhoristas esperavam encontrar foi aquela verificada entre as cultivares RB855322 (Figura 5C) e RB855127 (Figura 5D), pois ambas originaram-se do mesmo cruzamento (TUC71-7 x RB72454), e, nesse caso a cultivar TUC71-7 volta a aparecer como genitor feminino de mais duas cultivares dentro do mesmo grupo.

Quadro 4. Grupos, acessos dentro desses grupos, quantidade de acessos presentes em cada grupo bem como a porcentagem que contribui cada indivíduo que compõem os genitores da série RB05. Maringá, 2011

Grupo	Ace.	N.A.	N.R.A. (%)
G1	RB965586	1	1,2195
G2	RB72454	1	1,2195
G3	RB965921	1	1,2195
G4	RB855511	1	1,2195
G5	H83-9998	1	1,2195
G6	RB945956	1	1,2195
G7	RB966920; RB947532; L60-14; CO434; RB945961; RB855563; RB855156; RB896342; RB945954; RB915124; IAC93-7009; RB855322; RB951015; RB962002; RB91537; RB9557; RB941531; RB957610; RB855063; RB961530; SP80-1842; RB735200; RB961539; RB935860; CB45-155; RB957751; RB957689; SP85-3877; SP91-1049; IAC87-3396; RB71114; RB936001; SP89-1115; RB855127; RB945964; SP80-3280; RB971537; RB947501; SP71-6949; RB835089; RB956911; RB9620; RB925345; RB961527; Laica98-208; RB83102	46	56,0976
G8	RB946022; RB92606; RB9364;	3	3,6585
G9	RB92508; SP70-1143	2	2,4390
G10	RB943339; RB965911; RB855035; RB867515	4	4,8780
G11	RB855206; RB855536	2	2,4390
G12	RB971551; IAC86-2210; RB931604; CO775; RB957712; RB863129; SP83-2847	7	8,5366
G13	RB912695; RB872552; RB93522	3	3,6585
G14	RB915141; RB961005	2	2,4390
G15	RB739735; RB835486; RB945962	3	3,6585
G16	RB925211; SP70-1284	2	2,4390
G17	RB945065; RB946915	2	2,4390
Total		82	100

Ace.: Acesso; **N.A.:** Número de acessos; **N.R.A.:** Número relativo de acessos.

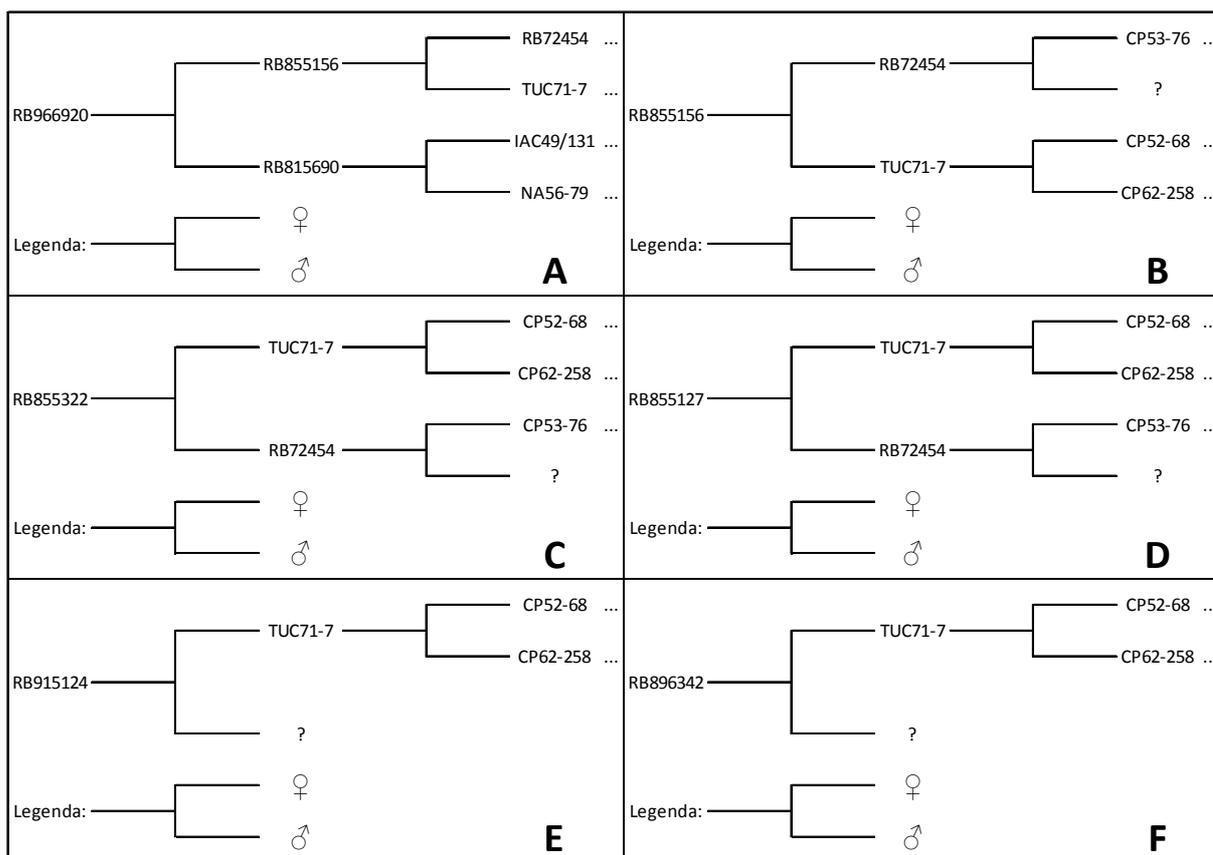


Figura 5. Genealogia das cultivares RB966920 (A), RB855156 (B), RB855322 (C), RB855127 (D), RB915124 (E) e RB896342 (F). (?): Policruzamento.

No Quadro 5 constata-se que a maior parte da variação molecular encontrou-se dentro dos grupos, e não entre os grupos. O valor de F de Wright, igual a 0,125, sugere a existência de variabilidade genética moderada (Wright, 1951), uma vez que, de acordo com Wright, valores de variabilidade genética entre as populações ou suas progênes resultantes de 0,0 a 0,05; 0,05 a 0,15; 0,15 a 0,25 e acima de 0,25 indicam divergências genéticas baixa, moderada, alta e muito alta, respectivamente.

Quadro 5. Análise molecular de variância – AMOVA, considerando os 17 grupos sob análise realizada entre 82 genitores de cana-de-açúcar. Maringá, 2011

Fonte	GL	SQ	QM	(%)	F Wright	PMS
Entre grupos	16	1550,474	96,905	13%	0,125**	0,001
Dentro dos grupos	65	3742,819	57,582	87%		
Total	81	5293,293				

GL: Graus de liberdade; **SQ:** Soma de quadrados; **QM:** Quadrado médio; **PMS:** Probabilidade mínima significativa. ** significativo a 1% ($p < 0,01$).

A análise dos dados oriundos dos SSRs com o uso do coeficiente de similaridade de Jaccard demonstrou que o grau de similaridade variou de 0,4716

(RB965586 x RB971551) a 0,9526 (RB936001 x SP89-1115), com média de 0,8536 entre os 82 acessos dessa população de cana-de-açúcar (dados não mostrados).

Baixo grau de similaridade foi encontrado entre RB855511 x R965586 (0,4890), RB863129 x RB965586 (0,4893) e RB915124 x RB965586 (0,4982). Esses cruzamentos seriam utilizados ao máximo pelos melhoristas, pois tendem a gerar descendentes pouco semelhantes entre si, o que provavelmente poderiam contribuir nas próximas fases do programa de melhoramento genético (Quadro 6).

Quadro 6. *Ranking* dos 10 cruzamentos mais recomendáveis (Convergentes) aos melhoristas e os 10 não recomendáveis (Divergentes) por meio da utilização do coeficiente de Jaccard oriundo de 36 *primers* microssatélites. Maringá, 2011

Convergentes					Divergentes				
Nº	Cul.	X	Cul.	S_j	Nº	Cul.	X	Cul.	S_j
1	RB971551	x	RB965586	0,4716	1	RB936001	x	SP89-1115	0,9526
2	RB965586	x	RB855511	0,4890	2	RB945954	x	RB896342	0,9505
3	RB965586	x	RB863129	0,4893	3	RB896342	x	RB855563	0,9505
4	RB965586	x	SP83-2847	0,4965	4	RB855322	x	RB951015	0,9420
5	RB965586	x	RB915124	0,4982	5	IAC87-3396	x	RB71114	0,9414
6	RB965586	x	RB931604	0,5036	6	RB925345	x	RB961527	0,9414
7	RB965586	x	RB945956	0,5036	7	RB855156	x	RB945954	0,9397
8	RB72454	x	RB965586	0,5057	8	RB855156	x	RB896342	0,9399
9	RB965586	x	SP85-3877	0,5071	9	SP71-6949	x	RB947501	0,9382
10	RB965586	x	SP70-1143	0,5090	10	RB855322	x	RB896342	0,9362

O contrário pode ser observado com os cruzamentos RB936001 x SP89-1115; RB945954 x RB896342, e RB896342 x RB956911 (Quadro 6), os quais apresentaram grande similaridade (0,9526, 0,9505 e 0,9505 respectivamente, os demais dados não são mostrados). Esses cruzamentos deveriam ser evitados ao máximo pelo melhoristas, pois os mesmo tenderiam a gerar progênes com baixa variabilidade, o que pode não contribuir em ganhos significativos, a depender da característica desejada.

Vale ressaltar que no Quadro 6 a cultivar RB965586 apareceu em todos os cruzamentos sugeridos como os menos similares. Essa cultivar possui características agrônômicas interessantes, como alto perfilhamento, hábito de crescimento ereto, fácil despalha e alta produção agrícola (Prof. Dr. Edelclaiton Daros, comunicação pessoal), por isso ela deveria ser explorada com mais ênfase pelos melhoristas nos futuros cruzamentos da RIDESA.

Outros cruzamentos sugeridos pela baixa similaridade (Quadro 6) estão de acordo com a opinião dos melhoristas da RIDESA, como, por exemplo, o

cruzamento que utiliza a cultivar RB855511, a qual possui rápido desenvolvimento vegetativo, não tem joçal, é resistente a carvão (*Sporisorium scitamineum*) e escaldadura (*Xanthomonas albilineans* Downson), e é tolerante à ferrugem-marrom (*Puccinia melanocephala* H. & P. Syd) e ao vírus do mosaico (vírus do mosaico da cana-de-açúcar-SCMV).

A cultivar RB863129, por sua vez, também merece destaque nos próximos cruzamentos, pois apresenta produtividade agrícola elevada e raro tombamento, é de maturação precoce e possui um período de utilização industrial (PUI) longo.

Vale aqui ressaltar que a cultivar RB72454 a qual ficou na oitava melhor posição dos cruzamentos sugeridos (Quadro 6), merece atenção especial dos pesquisadores, pois, de acordo com muitos censos varietais realizados pelo extinto Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (PLANALSUCAR) e pela RIDESA, os resultados obtidos ao longo dos anos ratificam que essa cultivar passou a ser a mais cultivada no Brasil por diversos anos e que pode ser considerada a variedade de cana-de-açúcar mais plantada no mundo (RIDESA, 2010).

Além disso, mesmo após 21 anos desde sua liberação nacional, a RB72454 ainda apresenta elevada área de plantio no Brasil, chegando a ocupar o terceiro lugar no censo realizado pela RIDESA em 2008 (RIDESA, 2010), devido à grande importância das suas características agronômicas como um todo.

4.3.4. CONCLUSÕES

O emprego de 36 *primers* na população desse estudo demonstrou que entre os 82 acessos de cana-de-açúcar houve uma similaridade genética de alta magnitude, ficando em media 0,8536.

A população dos 82 acessos que compuseram a Série RB05 do PMGCA/RIDESA/UFPR dividiu-se em 17 grupos distintos, ficando essa população caracterizada por uma base genética moderada, (F de Wright altamente significativo, 0,125**).

Os resultados obtidos demonstraram que os cruzamentos RB971551 x RB965586; RB965586 x RB855511; RB965586 x RB863129; RB965586 x SP83-2847; RB965586 x RB915124; RB965586 x RB931604; RB965586 x RB945956; RB72454 x RB965586; RB965586 x SP85-3877 e RB965586 x SP70-1143 devem ser explorados pelos melhorista de cana-de-açúcar para compor as futuras séries do PMGCA/RIDESA/UFPR.

4.3.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AITKEN, K.S.; JACKSON, P.A.; McINTYRE, C.L. A combination of AFLP and SSR markers provides extensive map coverage and identification of homo(eo)logous linkage groups in a sugarcane cultivar. **Theoretical and Applied Genetics**, 110:789-801, 2005.

ALJANABI, S.M.; FORGET, L.; DOOKUN, A. An improved and rapid protocol for the isolation of polysaccharide- and polyphenol-free sugarcane DNA. **Plant Molecular Biology Reporter**, 17:1-8, 1999.

ANDERSON, J.A.; CHURCHILL, G.A.; AUTRIQUE, J.E.; TANKSLEY, S.D.; SORRELLS, M.E. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. **Genome**, 36:181-186, 1993.

ANDRU, S.; PAN, Y.-B.; THONGTHAWEE, S.; BURNER, D.M.; KIMBENG, C.A. Genetic analysis of the sugarcane (*Saccharum* spp.) cultivar "LCP 85-384". I. Linkage mapping using AFLP, SSR, and TRAP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, 123:77-93, 2011.

ATLAS, R.S.; OVERALL, J. E. Comparative evaluation of two superior stopping rules for hierarchical cluster analysis. **Psychometrika**, 59:581-591, 1994.

BENCHIMOL, L.L.; SOUZA JUNIOR, C.L.; GARCIA, A.A.F.; KONO, P.M.S.; MANGOLIN, C.A.; BARBOSA, A.M.M.; COELHO, A.S.G.; SOUZA, A.P. Genetic diversity in tropical maize inbred lines: heterotic group assignment and hybrid performance determined by RFLP markers. **Plant Breeding**, 119:491-496, 2000.

BESSE, P.; McINTYRE, C.L.; BERDING, N. Characterisation of *Erianthus* sect. *Ripidium* and *Saccharum* germplasm (*Andropogoneae* – *Saccharinae*) using RFLP markers. **Euphytica**, 93:283-292, 1997.

CHEN, P.H.; PAN, Y.-B.; CHEN, R.-K.; XU, L.-P.; CHEN, Y.-Q. SSR marker-based analysis of genetic relatedness among sugarcane cultivars (*Saccharum* spp. hybrids) from breeding programs in China and other countries. **Sugar Tech**, 11:347-354, 2010.

CLIFFORD, H.T.; STEPHENSON, W. **An introduction to numerical classification**. London, UK: Academic Press, 1975. 229p.

COLLARD, B.C.Y.; JAHUFER, M.Z.Z.; BROUWER, J.B.; PANG, E.C.K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. **Euphytica**, 142(1-2):169-96, 2005.

CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira: Cana-de-açúcar Safra 2007/2008, Segundo Levantamento, Agosto/2007**. Brasília, DF: Companhia Nacional de Abastecimento, 2007. 12p.

CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira: Cana-de-açúcar Safra 2011/2012, Primeiro Levantamento, Maio/2011**. Brasília, DF: Companhia Nacional de Abastecimento, 2011. 19p.

CORDEIRO, G.M.; TAYLOR, G.O.; HENRY, R.J. Characterisation of microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* spp.), a highly polyploid species. **Plant Science**, 155:161-168, 2000.

CORDEIRO, G.M.; CASU, R.E.; McINTYRE, C.L.; MANNERS, J.M.; HENRY, R.J. Microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* spp.) ESTs cross transferable to *Erianthus* and *Sorghum*. **Plant Science**, 160:1115-1123, 2001.

CORDEIRO, G.M.; PAN, Y.-B.; HENRY, R.J. Sugarcane microsatellites for the assessment of genetic diversity in sugarcane germplasm. **Plant Science**, 165:181-189, 2003.

COSTA FILHO, L.S.D.; SILVA, P.P.; SANTOS, J.M.; BARBOSA, G.V.S.; RAMALHONETO, C.E.; SOARES, L.; ANDRADE, J.C.F.; ALMEIDA, C. Genetic similarity among genotypes of sugarcane estimated by SSR and coefficient of parentage. **Sugar Tech**, 12:145-149, 2010.

CRESTE, S.; SANSOLI, D.M.; TARDIANI, A.C.S.; SILVA, D.N.; GONÇALVES, F.K.; FÁVERO, T.M.; MEDEIROS, C.N.F.; FESTUCCI, C.S.; CARLINI-GARCIA, L.A.; LANDELL, M.G.A.; PINTO, L.R. Comparison of AFLP, TRAP and SSRs in the estimation of genetic relationships in sugarcane. **Sugar Tech**, 12:150-154, 2010.

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

D'HONT, A.; ISON, D.; ALIX, K.; ROUX, C.; GLASZMANN, J.C. Determination of basic chromosome numbers in the genus *Saccharum* by physical mapping of ribosomal RNA genes. **Genome**, 41:221-225, 1998.

DAVISON, A.C.; HINKLEY, D.V. **Bootstrap methods and their application**, Cambridge University Press, 1st ed. 1997, 582p.

EARL, D. A. **Structure Harvester v0.6.6**. Disponível em: <http://users.soe.ucsc.edu/~dearl/software/struct_harvest/>. Acesso em: 1, setembro, 2011.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, 14:2611-2620, 2005.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P.E.; QUATTRO, J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among dna haplotypes: application to human mitochondrial dna restriction data. **Genetics**, 131:479-491, 1992.

FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J.K. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. **Genetics**, 164:1567-1587, 2003.

FALUSH, D.; STEPHENS, M. e PRITCHARD, J.K. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. **Molecular Ecology Notes**, 7:574-578, 2007.

FAO. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Acesso em: 21, setembro, 2011.

GRIVET, L.; DANIELS, C.; GLASZMANN, J.C.; D'HONT, A. A review of recent molecular genetics evidence for sugarcane evolution and domestication. **Ethnobotany Research Applications**, 2:9-17, 2004.

HAMPL, V.; PAVLÍČEK, A.; FLEGR, J. Construction and bootstrap analysis of DNA fingerprinting-based phylogenetic trees with the freeware program FreeTree: application to trichomonad parasites. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 51:731-735, 2001.

HELLER-USZYNSKA, K.; USZYNSKI, G.; HUTTNER, E.; EVERS, M.; CARLIG, J.; CAIG, V.; AITKEN, K.S.; JACKSON, P.; PIPERIDIS, G.; COX, M.C.; GILMOUR, R.; D'HONT, A.; BUTTERFIELD, M.; GLASZMANN, J.C.; KILIAN, A. Diversity arrays technology effectively reveals DNA polymorphism in a large and complex genome of sugarcane. **Molecular Breeding**, 28:37-55, 2010.

HOARAU, J.-Y.; OFFMANN, B.; D'HONT, A.; ROQUES, D.; RISTERUCCI, A.-M.; GLASZMANN, J.C.; GRIVET, L. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum* spp.). I. Genome mapping with AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, 103:84-97, 2001.

JACCARD, P. Tude comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et des Jura. **Bulletin del la Société Vaudoise des Sciences Naturelles**, 37:547-579, 1901.

JAKOBSSON, M.; ROSENBERG, N.A. CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. **Bioinformatics**, 23:1801-1806, 2007.

JAMES, G. **An introduction to sugarcane**. 2nd ed. Sparks, Oxford. Blackwell Science Ltd. 2004. 216p.

KALIA, R.K.; RAI, M.K.; KALIA, S.; SINGH, R.; DHAWAN, A.K. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, 177:309-334, 2011.

- KOSKINEN, M.T.; HIRVONEN, H.; LANDRY, P.-A.; PRIMMER, C.R. The benefits of increasing the number of microsatellites utilized in genetic population studies: an empirical perspective. **Hereditas**, 141: 61-67, 2004.
- KRUSKAL, J.B. Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. **Psychometrika**, 29:1-27, 1964.
- LING, X.; HE, X.; XIN, D. Detecting gene clusters under evolutionary constraint in a large number of genomes. **Bioinformatics**, 25:571-577, 2009.
- LIU, K.; MUSE, S.V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. **Bioinformatics**, 21:2128-2129, 2005.
- McNEIL, M.D.; HERMANN, S.; JACKSON, P.A.; AITKEN, K.S. Conversion of AFLP markers to high-throughput markers in a complex polyploid, sugarcane. **Molecular Breeding**, 27:395-407, 2010.
- MELCHINGER, A.E. Genetic diversity and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (Eds.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison, USA: American Society of Agronomy, 1999. 524p.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, 20:359-63, 1977.
- NAWAZ, S.; KHAN, F.A.; TABASUM, S.; ZAKRIA, M.; SAEED, A.; IQBAL, M.Z. Phylogenetic relationships among *Saccharum* clones in Pakistan revealed by RAPD markers. **Genetics and Molecular Research**, 9:1673-1682, 2010.
- OLIVEIRA, K.M.; PINTO, L.R.; MARCONI, T.G.; MOLLINARI, M.; ULIAN, E.C.; CHABREGAS, S.M.; FALCO, M.C.; BURNQUIST, W.L.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, A.P. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. **Genome**, 52:191-209, 2009.
- PAGE, R.D.M. TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers. **Computer Applications In The Biosciences**, 12:357-358, 1996.
- PAN, Y.-B. Highly polymorphic microsatellite dna markers for sugarcane germplasm evaluation and variety identity testing. **Sugar Tech**, 8:246-256, 2006.

- PARIDA, S.K.; KALIA, S.K.; KAUL, S.; DALAL, V.; HEMAPRABHA, G.; SELVI, A.; PANDIT, A.; SINGH, A.; GAIKWAD, K.; SHARMA, T.R.; SRIVASTAVA, P.S.; SINGH, N.K.; MOHAPATRA, T. Informative genomic microsatellite markers for efficient genotyping applications in sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, 118:327-338, 2009.
- PARKER, G.D.; FOX, P.N.; LANGRIDGE, P.; CHALMERS, K.; WHAN, B.; GANTER, P.F. Genetic diversity within Australian wheat breeding programs based on molecular and pedigree data. **Euphytica**, 124:293-306, 2002.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Molecular Ecology Notes**, 6:288-295, 2006.
- PEAKALL, R. Appendix 1 – Methods and statistics in GenAEx 6 By Rod Peakall and Peter Smouse. **Statistics**, 2007. p. 1-23.
- PINTO, L.R.; OLIVEIRA, K.M.; ULIAN, E.C.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, A.P. Survey in the sugarcane expressed sequence tag database (SUCEST) for simple sequence repeats. **Genome**, 47:795-804, 2004.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, 155:945-959, 2000.
- RABOIN, L.-M.; OLIVEIRA, K.M.; LECUNFF, L.; TELISMART, H.; ROQUES, D.; BUTTERFIELD, M.; HOARAU, J.-Y.; D'HONT, A. Genetic mapping in sugarcane, a high polyploid, using bi-parental progeny: identification of a gene controlling stalk color and a new rust resistance gene. **Theoretical and Applied Genetics**, 112:1382-1391, 2006.
- RIDESA. **Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar**. 1. ed. Curitiba, PR: UFPR, 2010. 136p.
- ROHLF, F.J.; FISHER, D.R. Tests for hierarchical structure in random data sets. **Systematic Zoology**, 17:407-412, 1968.
- ROHLF, F.J. NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. **New York Exeter Software**, 1998.

SELVI, A.; NAIR, N.V.; NOYER, J.L.; SINGH, N.K.; BALASUNDARAM, N.; BANSAL, K.C.; KOUNDAL, K.R.; MOHAPATRA, T. Genomic constitution and genetic relationship among the tropical and subtropical indian sugarcane cultivars revealed by AFLP. **Crop Science**, 45:1750-1757, 2005.

SILVA, C.M.; MANGOLIN, C.A.; MOTT, A.S.; MACHADO, M.F.P.S. Genetic diversity associated with in vitro and conventional bud propagation of *Saccharum* varieties using RAPD analysis. **Plant Breeding**, 127:1-6, 2007.

SILVA, J.A.; SORRELLS, M.E.; BURNQUIST, W.L.; TANKSLEY, S.D. RFLP linkage map and genome analysis of *Saccharum spontaneum*. **Genome**, 36:782-791, 1993.

SINGH, R.K.; SRIVASTAVA, S.; SINGH, S.P.; SHARMA, M.L.; MOHAPATRA, T.; SINGH, N.K.; SINGH, S.B. Identification of new microsatellite DNA markers for sugar and related traits in sugarcane. **Sugar Tech**, 10:327-323, 2009.

SINGH, R.K.; MISHRA, S.K.; SINGH, S.P.; MISHRA, N.; SHARMA, M.L. Evaluation of microsatellite markers for genetic diversity analysis among sugarcane species and commercial hybrids. **Australian Journal of Crop Science**, 4:116-125, 2010.

SINGH, R.K.; SINGH, R.B.; SINGH, S.P.; SHARMA, M.L. Identification of sugarcane microsatellites associated to sugar content in sugarcane and transferability to other cereal genomes. **Euphytica**, 182:335-354, 2011.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, 11:33-40, 1962.

TEW, T.L.; PAN, Y.-B. Microsatellite (Simple Sequence Repeat) marker-based paternity analysis of a seven-parent sugarcane polycross. **Crop Science**, 50:1401-1408, 2010.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Annual Eugenics**, 15:223-354, 1951.

ZHANG, G.-M.; LI, Y.-R.; HE, W.-Z.; HE, H.; LIU, X.-H.; SONG, H.-Z.; LIU, H.-B.; ZHU, R.-C.; FANG, W.-K.; Analysis of the genetic diversity in *Saccharum spontaneum* L. accessions from Guangxi Province of China with RAPD-PCR. **Sugar Tech**, 12:31-35, 2010.

5. CONCLUSÕES GERAIS

A metodologia baseada no REML/BLUP possibilitou selecionar as famílias superiores e rejeitar as inferiores. Com isso o programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar tende a conseguir incrementos genéticos significativos nas próximas fases de seleção.

Como houve ordenamento diferenciado das melhores famílias ao longo das safras, é de suma importância que os melhoristas façam as análises, sempre que possível, em pelo menos duas safras de forma conjunta, a fim de que os resultados gerados possam assegurar mais precisamente a ordenação das melhores famílias a serem selecionadas.

O índice de seleção é outra ferramenta indispensável para colaborar com o trabalho prático do melhorista, pois na maioria das vezes um programa de melhoramento genético trabalhará com números elevados de características avaliadas. Sendo assim, muitas famílias superiores em determinada característica podem ser consideradas como famílias inferiores em outras características. Por isso, ao selecionar uma família superior em uma característica, o melhorista pode estar levando adiante uma família inferior em outra característica avaliada, o que pode prejudicar a próxima fase de seleção, caso o profissional não use alguma metodologia de índice de seleção.

O mesmo acontece quando se selecionam genitores. O uso do REML/BLUP permite selecionar de forma eficaz também os genitores que podem vir a ser os responsáveis pelas famílias das próximas Séries da RIDESA/UFPR.

No caso da seleção de genitores também pode ocorrer os fatos presenciados na seleção de famílias, ou seja, pode haver ordenação diferenciada ao longo das safras; por isso a análise conjunta de mais de uma safra é a maneira mais precisa de escolher os genitores.

O índice de seleção, ao atuar sobre a escolha dos genitores, tem o mesmo propósito que a seleção de famílias. O melhorista pode selecionar genitores superiores a uma determinada característica e, ao mesmo tempo fazer decrescerem

os ganhos genéticos de outras características, caso o profissional não use algum índice de seleção.

O uso de marcadores moleculares em cana-de-açúcar mostra-se uma metodologia primordial ao analisar a diversidade dos acessos. Com esse recurso os programas de cana-de-açúcar podem obter dados que apresentam a grande vantagem de não serem influenciados pelo ambiente, agindo somente em nível genético.

Mapeada a diversidade genética entre os acessos, os pesquisadores podem direcionar mais exatamente os cruzamentos para as próximas Séries, com o intuito de aumentar a variabilidade genética dos cruzamentos. Com isso espera-se obter híbridos mais produtivos que nas Séries anteriores.

APÉNDICE

Quadro 1A. Taxa pluviométrica (mm), temperaturas máxima, média e mínima (°C) do período janeiro de 2006 (jan/06) a dezembro de 2009 (dez/09) em Paranavaí, PR. Maringá, 2011

