

Avaliação do desempenho agroindustrial de famílias da série RB07 na fase inicial de seleção em cana-de-açúcar

Agroindustrial performance evaluation of some families of Series RB07 in initial phase selection in sugar cane

Júlio da Silva Corrêa de Oliveira Andrade¹ e José Machado²

^{1,2}Departamento de Tecnologia Rural, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco, Brasil.
josemachado@ufrpe.br

RESUMO:

Objetivou-se com este trabalho avaliar o desempenho da produtividade na cana-de-açúcar, riqueza em açúcar e maturação precoce de famílias da série RB07 na fase T2 de seleção em cana-de-açúcar. Este trabalho foi conduzido na safra agrícola de 2008/2009 com cana-planta na área agrícola da Usina São José. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições, e utilizando dez tratamentos (famílias). Foram avaliados em cana-planta, aos três meses de idade da planta, para a produção agrícola os caracteres número de folha por planta (NFP), altura média da planta (AMP) e número de perfilho por touceira (NPT); no sexto mês, além destes caracteres foram acrescentados: diâmetro médio do colmo (DMC) e número médio de colmo por touceira (NMCP); e no décimo segundo mês de idade foram também avaliados os seguintes caracteres brix % cana (BC), peso médio da cana por touceira (PMP), NMCP, tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de cana por hectare estimado (TCH_e) e tonelada de brix por hectare (TBH). A presença de variabilidade genética entre as famílias oriundas do cruzamento de irmãos germanos em cana-de-açúcar, constatada na população analisada possibilita selecionar as melhores famílias com base em características de produção, podendo ser uma estratégia a ser adotada em estágios iniciais em seleção na fase T2. Na população avaliada existe a possibilidade para seleção de famílias oriundas do cruzamento de irmãos germanos para maturação precoce com base no brix % cana (BC). A seleção de famílias na fase inicial do melhoramento de cana-de-açúcar é uma estratégia para identificar indivíduos com elevados valores genotípicos, com possibilidade de seleção de clones potencialmente produtivos em TCH e TBH.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., fase juvenil, seleção de família, seleção de indivíduos, cruzamento biparental.

ABSTRACT:

The objective of this study was to evaluate the performance of productivity in sugarcane, richness in sugar and early maturation of families of series RB07 in stage T2 selection in sugarcane. This work was conducted in the crop year of 2008/2009 with sugarcane in the agricultural area of San Jose. The Plant experimental design adopted was a randomized block design with four replications, and using ten treatments (families). Were evaluated in sugarcane, at the three-month-old plant for agricultural production the characters leaves numer per plant (LNP), mean height plant (MHP) and plant number per clump (PNC); at the sixth month, beyond these characters have been added mean diamter of the culm (MDC) and mean number of cane per plant (MNCP); already at the twelfth month of age, were also evaluated the following characters leaves number per plant (LNP), mean height plant (MHP), mean diameter of the culm (MDC), cane brix (CB), mean weight of cane per clump (MWC), mean number of cane per plant (MNCP), cane ton per hectare (CTH), cane ton per estimated hectare (CTeH) and brix tone per hectare (BTH). The presence of genetic variability among families from cross of brother-german in cane sugar, found in this population allows you to select the best families based in production characteristics and can be a strategy to be adopted in the

early stages of selection in fase T2. In this present population there is the possibility for families selection from cross of brother-german families for early maturing based on the Brix% cane (CB). The selection of families in early fase of improvement of sugarcane, is a strategy for identifying individuals with high values genotypes, with the possibility of selecting clones potentially productive in CTH and BTH.

Keywords: Saccharum spp., juvenile phase, selection of family, selection of individuals, biparental cross.

INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é um produto de destaque no cenário econômico e social brasileiro, e o seu bom desempenho está relacionado aos programas de melhoramento genético, nos quais um dos principais objetivos é desenvolver variedades adaptadas às diversas regiões canavieiras do Brasil (ROSSE et al., 2002).

O Brasil é considerado o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, com o volume nacional total a ser processado pelo setor sucroalcooleiro na safra para o ano agrícola 2009/2010, deverá atingir um montante entre 622,0 e 633,7 milhões de toneladas. Este volume representa um aumento de 8,6% a 10,7% do obtido na safra passada (CONAB, 2009).

No Brasil, existem, atualmente, quatro programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar: A RIDESA – Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro, composto por um grupo de dez Universidades Federais, desenvolvendo variedades denominadas RB; o Instituto Agrônomo de Campinas, com variedades IAC; o Centro de Tecnologia Canavieira, antigas variedades CTC e o Canavialis, criado recentemente pelo Grupo Votorantin, que desenvolve variedades CV.

Em cana-de-açúcar, a seleção é praticada em todas as fases do melhoramento genético, desde a escolha dos genitores, passando pela escolha dos cruzamentos, pela seleção na população de indivíduos oriundos dos cruzamentos realizados e nas etapas subseqüentes com a seleção clonal. Nas primeiras fases do melhoramento a precisão experimental é muito baixa não permitindo que a taxa de seleção seja reduzida (SOUZA, 1989; CALIJA et al., 2001).

A segunda fase de seleção no melhoramento da cana-de-açúcar, denominada de T2, é constituída por clones, oriundos da cana-planta da fase T1. No melhoramento genético de plantas duas fontes de variação têm sido reconhecidas, a variação entre e dentro de famílias.

No caso das espécies de propagação vegetativa, como a cana-de-açúcar, a teoria e os resultados experimentais têm mostrado que estas duas fontes de variação são de magnitudes semelhantes (SIMMONDS, 1996). As progênies ou famílias são unidades de seleção que podem ser selecionadas ou rejeitadas de acordo com seu valor fenotípico médio. A principal circunstância em que se faz opção pela seleção de família é quando o caráter selecionado apresenta baixa herdabilidade. Valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam às médias das famílias. A eficiência da seleção de famílias baseia-se no fato de que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tendem a se anular (FALCONER e MACKAY, 1996).

A seleção de família é uma estratégia que tem sido utilizada em cana-de-açúcar no início do melhoramento de cana-de-açúcar (JACKSON et al., 1995a, b). No entanto, a seleção precoce de famílias se torna eficiente, desde que se concentrem esforços somente nas famílias que se mostrarem mais promissoras (GOPAL, 1997; NEELE e LOUWES, 1989).

No melhoramento genético as estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos têm fundamental importância, pois revela os efeitos envolvidos na obtenção de novas populações melhoradas (RESENDE, 2002). Muitas vezes, os efeitos ambientais, mascaram o potencial genético dos indivíduos, deste modo, quanto maior a proporção da variabilidade ambiental em relação à variabilidade total, maior será a dificuldade em se identificar e selecionar genótipos superiores (BORÉM, 1998).

A magnitude da variabilidade genética é possível de ser identificada através da herdabilidade dos caracteres estudados (ampla, restrita e média), variância genética aditiva e de dominância e a variância genotípica (RESENDE, 2002). O sucesso da seleção em programas de melhoramento depende da variação genética na população, o interesse principal está na determinação da variabilidade e da herdabilidade dos caracteres envolvidos (COSTA et al., 2000).

RAMALHO et al. (2001) afirmaram que o conhecimento da variabilidade relacionada às diferenças fenotípicas existentes, apresentada pelos caracteres agrônômicos, nas populações e o quanto desta é de origem genética, é essencial em qualquer programa de melhoramento, pois permite reconhecer o controle genético do caráter e verificar a

potencialidade da população para fins de seleção. Dentre os vários parâmetros genéticos estudados em uma população, o mais considerado por melhoristas, com o intuito de investigar a natureza da variabilidade observada é a herdabilidade, devido ao fato desta levar em conta todos os componentes de variância (FALCONER, 1981). Contudo, a herdabilidade não apresenta um valor constante referente a um caráter, variando de acordo com a população em estudo e das circunstâncias do ambiente nas quais estas populações são avaliadas (DUDLEY e MOLL, 1969; FALCONER, 1987; FEHR, 1987). BRESSIANI (1993) relatou que existem grandes variações nas estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h_r^2) entre as primeiras fases de seleção em cana-de-açúcar, devido a baixa precisão na determinação do valor médio dos pais, número de cruzamentos envolvidos no estudo e interação entre genótipos e fases de seleção. A grande influência do ambiente nos genótipos de cana-de-açúcar avaliados nas fases iniciais de seleção é responsável pelas baixas estimativas de herdabilidade encontradas nestas fases (SKINNER et al., 1987; MATSUOKA, et al., 2005).

SKINNER et al. (1987), comentaram as estimativas de (h_r^2) na fase inicial de seleção em cana-de-açúcar variaram de 0,30 a 0,44 para diâmetro de colmo, 0,21 a 0,32 para altura de colmo, 0,10 a 0,17 para toneladas de cana por hectare, 0,27 a 0,65 para brix % cana para toneladas de brix por hectare, que foi estimada em 0,16%. Segundo SINGH et al. (1981) pequenas diferenças nas estimativas de herdabilidade detectadas entre estudos podem ser devido às diferenças entre os genótipos avaliados, tamanho amostral e ambientes considerados.

Os estudos realizados por SKINNER et al. (1987) e MATSUOKA (1999) reforçam que a seleção do Brix nas fases iniciais de seleção é de fundamental importância, pois é um dos caracteres de maior grau de determinação genética em cana-de-açúcar, onde o mesmo possui caráter de alta herdabilidade. MORAES (2008) estudando famílias em cana-de-açúcar, encontrou resultados com alta significância para o caráter brix da cana. Entretanto, PEDROZO (2006) e SILVA (2008) não observaram significância para este caráter.

O número de colmos por touceira é um dos componentes importantes na produção de colmos, assim sendo, é relevante a adoção de estratégias no sentido de se maximizar a

variabilidade genética para tal caráter. Nesse aspecto VIEIRA e MILLIGAN (1999) observaram que o emprego de maior espaçamento entre plantas maximizou a herdabilidade para número e altura de colmos por touceira, ao passo que para diâmetro de colmos, o maior espaçamento não apresentou tal efeito.

REVISÃO

1. Importância do melhoramento genético da cana-de-açúcar

Nos últimos anos as mudanças que vêm incidindo no setor sucroalcooleiro abrangem a gestão de produção, as relações de trabalho e as inovações tecnológicas. Tendo em vista o grande volume da demanda internacional, atual e futura, pelo consumo do álcool e sem prejudicar o fornecimento interno, neste cenário o Brasil surge como presença marcante no mercado Internacional. Deste modo, é imprescindível a superação de alguns obstáculos tais como: instalação de novas usinas (incorporação de novas áreas agrícolas) e aprimoramento da linha de produção daquelas já existentes (áreas tradicionais), entre outras. Neste contexto, o melhoramento genético terá fundamental importância desenvolvendo novas cultivares de cana-de-açúcar com caracteres agronômicos favoráveis, visando à elevação da produtividade agrícola e industrial em todas as regiões produtoras (SANTOS, 2007).

Graças ao salto tecnológico dos centros de pesquisa e à conjuntura internacional que tende a ser cada vez mais favorável, a cultura vive um processo de transição a partir do qual deixa de ser mero produto agrícola para se tornar matéria-prima de aproveitamento ilimitado e com alto potencial de valor agregado. E esses aumento de demanda estão associados também aos preços recordes do petróleo e de seus derivados, no qual, existem incentivos internos ao uso do etanol e a aspectos ambientais, como a mobilização mundial para minimizar os efeitos do aquecimento global (ANUARIO, 2009).

O Brasil é considerado o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, com uma estimativa de safra para o ano agrícola 2009/2010, de 622 a 634 milhões de toneladas de cana. O volume é o maior alcançado até agora e oscila entre 8,6% e 10,7%, quando comparado as 573 milhões de toneladas de 2008/2009. Com um incremento de ampliação

da área plantada de 10%, onde os estados do Centro-Sul são responsáveis pelo processamento de 90% da produção e os do Norte/Nordeste pelo restante (CONAB, 2009).

O melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil é realizado por empresas governamentais e particulares, que são as seguintes: A RIDESA – Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro, composto por um grupo de dez Universidades Federais, desenvolvendo variedades denominadas RB; o Instituto Agrônomo de Campinas, com variedades IAC; o Centro de Tecnologia Canavieira, antigas variedades CTC e o Canavialis, criado recentemente pelo Grupo Votorantin, que desenvolve variedades CV.

Segundo BARBOSA et al. (2000) para o desenvolvimento do setor canavieiro nacional, a colaboração do melhoramento genético foi indispensável, visto que obtivemos ganhos elevados tanto em produtividade quanto em qualidade, notadamente nas últimas décadas. A média de produtividade da cana-de-açúcar apresentou ganho elevado de 30% (FERREIRA et al., 2005).

As variedades de cana-de-açúcar são atingidas, com o passar do tempo, por uma degenerescência que atinge o seu potencial agrícola acarretando assim, um sério declínio nos caracteres tidos como componentes de produção. Por este e outros motivos, há necessidade de desenvolver novas variedades, que apresentem caracteres agroindustriais de excelente qualidade e possibilitem a manutenção do processo produtivo. A permanência das variedades no elenco comercial tem tempo reduzido devido ao curto ciclo (4 a 5 cortes) que algumas podem chegar, tendo substituição imediata por conta de problemas agrônômicos ou porque outras novas variedades colocadas à disposição dos produtores são superiores se considerarmos alguns parâmetros agroindustriais de qualidade (STUPIELLO, 2002).

Para a agroindústria açucareira continuar produzindo, com alto potencial, é necessário que as variedades estejam em um processo contínuo de substituição. Para tal sucesso, todos os anos, clones promissores são cruzados, produzindo sementes que são utilizadas para a produção de uma população de seedlings ou plântulas. Em seguida, estas plântulas são levadas a campo e após o desenvolvimento, entram nas etapas de seleção.

No processo de seleção em de cana-de-açúcar se torna dispendioso e longo que incide nas etapas fases iniciais, intermediárias e finais de seleção, ficando a critério, de cada

programa, avançar nas fases iniciais (CALIJA et al., 2001). Em cada etapa são realizadas avaliações que permitem a identificação dos clones promissores, que passarão para a fase seguinte, sendo que apenas uma pequena porcentagem chega até as etapas finais (LANDELL et al., 1999; CALIJA et al., 2001; KIMBENG e COX, 2003). Onde a realização do cruzamento e a liberação comercial das variedades gira em torno de 12 a 15 anos (LANDELL et al., 1999, CALIJA et al., 2001; KIMBENG e COX, 2003).

2. Contribuição do melhoramento genético da cana-de-açúcar para o agronegócio

A base do agronegócio da cana-de-açúcar é o melhoramento genético. A variedade é a tecnologia de maior importância para aumento da produtividade de cana-de-açúcar e melhoria na qualidade da matéria prima para fabricação de açúcar e álcool. Na atual conjuntura econômica, o melhoramento genético da cana-de-açúcar aparece como base fundamental para o desenvolvimento de novas variedades para a manutenção e incremento dos agronegócios da agroindústria sucroalcooleira. O agronegócio da cana-de-açúcar engloba a produção de cana, açúcar e bioetanol.

A cultura da cana-de-açúcar tem destaque no Brasil, como uma das principais atividades sócio-econômicas, desde sua introdução. Entretanto, só assumiu a posição de maior produtor mundial de cana-de-açúcar, álcool e açúcar, no final do século XX (BALSADI et al., 1996). Um dos principais fatores para que este fato ocorresse foi à criação do Programa Nacional do Álcool (Pró-álcool), criado em 1979, aumentando consideravelmente a área de produção em todo país (ANDRADE, 1985).

Atualmente, o setor sucroalcooleiro passa por um acelerado processo de crescimento, alavancado pela escassez das reservas de petróleo e pela preocupação da sociedade com a iminência de mudanças climáticas (BRASIL, 2007). A ocorrência desses fatores gera uma enorme pressão sobre o uso de combustíveis fósseis, considerados os principais responsáveis pelo aquecimento global. Com isso, aumenta a cada safra a demanda pelo álcool no Brasil e no exterior. A cana-de-açúcar é uma das melhores opções dentre as fontes de energia alternativa (CESNIK e MIOCQUE, 2004).

No Brasil, os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar têm buscado novos genótipos de maturação precoce e com elevado potencial em toneladas de cana por hectare e riqueza em açúcar, além de atender as necessidades em cana no período de moagem de cada região. Assim sendo, a seleção de genótipos promissores para esta característica já nas primeiras fases de seleção pode contribuir para identificação de um número maior de genótipos com estas características.

2.1. Seleção de famílias nas fases iniciais de melhoramento da cana-de-açúcar

No melhoramento genético de plantas duas fontes de variação tem sido reconhecidas, a variação entre e dentro de famílias. No caso das espécies de propagação vegetativa, como a cana-de-açúcar, a teoria e os resultados experimentais têm mostrado que estas duas fontes de variação são de magnitude semelhantes (SIMMONDS, 1996). No entanto, em nível prático, tem sido, principalmente, explorada nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar a variação dentro das famílias. Isto é, normalmente faz-se a seleção massal em populações não previamente selecionadas para o caráter produtividade de açúcar por área. Embora exista a possibilidade de explorar a considerável variação observada dentro das famílias identificando indivíduos transgressivos, ainda assim, seria em percentual muito menor do que se praticasse seleção massal em famílias superiores, haja vista que a seleção para esta característica de baixa herdabilidade é pouco eficiente nas primeiras gerações clonais.

As progênies ou famílias podem ser selecionadas ou rejeitadas de acordo com seu valor fenotípico médio. Essa seleção será realizada principalmente na circunstância em que o caráter selecionado for de baixa herdabilidade. E os valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam às médias das famílias. Portanto, a eficiência deste processo se baseia no fato de que os desvios dos efeitos ambientais tende a se anular. Logo, aos desvios dentro da família são dados pesos zero (FALCONER e MACKAY, 1996).

A seleção de família é uma estratégia que tem sido utilizada em batata (BRADSHAW et al., 2000; GOPAL, 2001) e em cana-de-açúcar (JACKSON et al., 1995).

No entanto, a seleção precoce de famílias se torna eficiente, desde que se concentrem esforços somente nas famílias que se mostrarem mais promissoras (GOPAL, 1997; NEELE e LOUWES, 1989).

O melhoramento genético da cultura da cana-de-açúcar envolve uma seqüência de várias fases. Sendo que, na primeira fase e apenas nesta fase, que ocorre depois da hibridação, que são plantadas as sementes verdadeiras, originando os seedings “plântulas originadas a partir de sementes botânicas”. Nas fases subseqüentes são plantados por meio de propagação vegetativa, sendo progressivamente menor o número de clones avaliados em fases mais avançadas.

Portanto, durante as fases do melhoramento da cana-de-açúcar, não existe a oportunidade para recombinação sexual e com isso, a geração de nova variabilidade genética que poderia ser explorada. Assim, o melhoramento em cana-de-açúcar tem apenas a fase após a hibridação para explorar a variabilidade genética (SKINNER et al., 1987; KIMBENG e COX, 2003).

Os genitores utilizados nos cruzamentos são cultivares ou clones nacionais ou introduzidos de outros países, sendo que normalmente são utilizados clones e cultivares desenvolvidos no País ou região, por apresentarem elevado nível de produtividade, além de associarem outras importantes características agroindustriais. Mesmo utilizando este critério, verifica-se que o número de combinações possíveis de serem realizadas, durante a campanha de cruzamentos, é elevado. Para aumentar a eficiência do melhoramento genético em cana-de-açúcar, uma nova etapa tem sido incorporada às fases iniciais dos mesmos. Esta etapa consiste em identificar cruzamentos superiores, que serão utilizados para formar a população-base sobre a qual se fará a seleção. Assim, as chances de selecionar genótipos superiores, que se transformarão em variedades bem sucedidas futuramente, são maiores. Outra grande vantagem atribuída a esta metodologia é a possibilidade de descarte de genótipos indesejáveis, nas fases iniciais do programa, reduzindo os custos, espaço e tempo. Esta predição do cruzamento promissor envolve a hibridação dos pais escolhidos e a avaliação de suas respectivas progênes resultantes de

cada cruzamento, para que se possam estimar os parâmetros que formarão a base da predição (BASTOS, 2001).

KIMBENG e COX (2003) ao relatarem perspectivas para a seleção de genitores e novos cruzamentos, indicaram que a seleção de genitores com elevado potencial para produção de açúcar deve ser eficaz em produzir progênies com estas características, mais do que para a seleção de genitores promissores em rendimento de colmo por hectare.

Os primeiros estudos de famílias de cana-de-açúcar foi iniciado na Austrália na década de setenta por HOGARTH (1971a), porém houve grande dificuldade, devido ao intenso trabalho pessoal para levantamentos dos resultados experimentais das famílias, aliado ao alto custo do processo de avaliação experimental, o que tornava proibitivo este estudo. Alternativas, com o desenvolvimento de colheitadeiras mecanizadas na Austrália, tornaram possível investigar as vantagens da seleção de famílias devido a elaboração de experimentos mais detalhados, possibilitando o aumento da eficiência deste processo. Os resultados revelaram que o estudo de seleção de famílias pode contribuir para a seleção de parentais e de cruzamentos que visem a obtenção de populações melhoradas (HOGARTH, 1971b; KIMBENG et al., 2001b). A estratégia de seleção de famílias pode ser adotada quando os caracteres sob seleção são de baixa herdabilidade, pois nestes casos os maiores desvios são decorrentes dos efeitos ambientais, sendo que esses tende a se anular, com isso, a média fenotípica da família será mais próxima da média genotípica BRESSIANI (2001). Além da Austrália, o interesse pela seleção de famílias foi evidente na Indonésia (SUKARSO, 1986), Cuba (ORTIZ e CABALLERO, 1989), África do Sul (BOND, 1989), Havaí (WU e TEW, 1989), Flórida (TAI e MILLER, 1989) e na Lousiana (CHANG e MILLIGAN, 1992).

A Seleção é praticada em todas as fases do melhoramento genético de cana-de-açúcar, que perpassa a escolha dos genitores, a combinação de cruzamentos, a seleção na população de indivíduos oriundos dos cruzamentos realizados até enfim, a seleção clonal. Nas primeiras fases do melhoramento a precisão experimental é muito baixa não permitindo que a taxa de seleção seja reduzida (SOUZA, 1989; CALIJA et al., 2001).

Na Seleção as informações individuais determinarão as médias das famílias, tornando-a assim mais efetiva sob o ponto de vista dos caracteres de baixa herdabilidade na análise em estudos de famílias. Verifica-se que elevada proporção da variação fenotípica entre famílias pode ser explicada devido a fatores genéticos (BRESSIANI, 2001).

Estudos mostrando o potencial de famílias com valores genotípicos superiores quando comparados com famílias de valores inferiores, evidenciam que a seleção com base nas melhores famílias é efetiva para identificar quais famílias teriam maior proporção de clones elites (KIMBENG et al., 2001a). Portanto, realizar a seleção de famílias, objetivando a seleção de clones superiores “seleção individual de clones elites” em famílias superiores é possível, pois a probabilidade de se encontrar clones elites em fases avançadas de seleção do programa de melhoramento tenderá a ser maior com estas famílias melhoradas (KIMBENG e COX, 2003). Entretanto, explorar comercialmente um clone tem mais importância que uma população geneticamente melhorada. Concluíram que é importante considerar que nesta população melhorada a frequência de clones elites tende a ser maior (JACKSON e McRAE, 1998).

Neste sentido, KIMBENG e COX (2003) relatam que a adoção da seleção de família tem efeitos positivos para um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar, pois gera informações importantes para se determinar o valor genotípico dos cruzamentos identificando genótipos e clones elites potenciais para novos cruzamentos.

SKINNER et al. (1987) relataram ainda, que o estudo de famílias pode contribuir para prever cruzamentos superiores, podendo ser concentrado esforços nos cruzamentos mais promissores, que poderão aumentar substancialmente as chances de selecionar clones elites.

COX e HOGART (1993) relatam que em cana-de-açúcar, o esquema de seleção entre e dentro de famílias tende a ser mais eficiente que, somente, o método de seleção de famílias. Desta forma as famílias seriam previamente analisadas em ciclo de cana-planta, sendo realizado posteriormente a seleção massal dentro das famílias promissoras, ou seja, aquelas com elevados valores genotípicos e acima da média experimental. Esta seleção

seria realizada no segundo ciclo de desenvolvimento de cana-de-açúcar, se baseando em caracteres de alta herdabilidade e caracteres morfológicos.

Quando aliada a seleção individual de clones (seleção massal), a seleção de famílias pode proporcionar maior eficiência, conforme relatado por KIMBENG e COX (2003). Estudos têm evidenciado que a seleção individual de clones em ciclo de cana-soca tem maior eficiência, quando é realizada dentro de famílias elites. Sendo estas, previamente selecionadas em ciclo de anterior, cana-planta, com base em características quantitativas de produção, como tonelada de cana por hectare e tonelada de açúcar por hectare. Já na avaliação em ciclo de cana-soca, as características mais efetivas de seleção são as visuais, o teor de açúcar nos clones “Brix da cana” e as demais características que compõem o rendimento. Neste sentido, diversos autores relataram a superioridade efetiva em combinar a seleção de famílias com a seleção individual (JACKSON e MCRAE, 1998; KIMBENG et al., 2000; KIMBENG e COX, 2003).

Os experimentos de seleção de famílias nas fases iniciais, também podem ser estendidos para diversos ambientes e também ao longo dos anos. Com isso, há a possibilidade de se quantificar o efeito do ambiente e da safra, possibilitando a identificação de famílias estáveis e compreender a influência do ambiente/safra sob o processo de seleção. Importante considerar ainda, que na seleção de famílias combinada ou não com a seleção individual, tende a ter menor eficiência quando houver pequena variância genotípica entre as famílias e uma alta correlação genética entre o caráter selecionado e a produção de campo (JACKSON et al., 1995).

Por outro lado, a variação do ambiente aos membros da família diminui a eficiência de sua seleção. Se este componente for grande, ele tenderá a confundir as diferenças genéticas entre as famílias, tornando a seleção ineficiente. Outro fator importante, na eficiência da seleção de famílias, diz respeito ao número de indivíduos que representarão a família. Teoricamente, quanto maior for o seu tamanho, maior será a correspondência entre o valor fenotípico médio e o valor genotípico médio. No entanto, é necessário um número relativamente pequeno de genótipos de cada progênie para representar o desempenho da família, sendo suficiente entre 20 e 80 (BRADSHAW e

MACKAY, 1994; DINIZ, 2002). Nesta seleção, as informações individuais irão determinar as médias das famílias. A seleção torna-se mais efetiva, pois os caracteres de baixa herdabilidade, quando analisados em estudos de famílias, verifica-se que a elevada proporção da variação fenotípica entre famílias podem ser explicados devidos a fatores genéticos (BRESSIANI, 2001).

O estudo da interação famílias por ambientes tem sido realizado com a cultura da cana-de-açúcar (BRESSIANI, 2001; BULL et al., 1992; JACKSON et al., 1995). Avaliando 33 famílias de cana-de-açúcar em dois locais, (BRESSIANI, 2001) observou interação significativa entre famílias e locais para todos os caracteres avaliados, bem como destacou que as variâncias de família foram superiores às variâncias da interação famílias por locais. A decomposição da variância da interação família por local, com base nos valores fenotípicos e genotípicos, mostrou-se complexa em quase sua totalidade, destacando-se a dificuldade na seleção de famílias adaptadas a ambos os locais.

A avaliação de famílias permite estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos, prever os valores genéticos em cruzamentos, as relações entre os caracteres em estudo, permitindo ainda, avaliar a eficiência dos métodos de seleção e estimar os progressos genéticos proporcionados pela seleção. Processos como estes podem contribuir para a evolução de um programa de melhoramento, pois possibilitaria maior entendimento e melhor exploração da variabilidade genética presente em progênies originadas de cruzamentos entre genitores conhecidos. Outro ponto importante refere-se ao conhecimento do valor genético dos genitores utilizados nos cruzamentos. Isto indicaria a melhor metodologia de hibridação entre genitores, ou seja, policruzamentos ou cruzamentos simples “biparentais” (SILVA et al., 2002). A seleção de genótipos para o uso como parentais, aliado a escolha dos cruzamentos, torna-se uma decisão crítica dentro de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar (KIMBENG e COX, 2003).

Segundo PEDROZO (2006), dentre os caracteres de seleção, o que se mostrou mais promissor a ser considerado na seleção de genótipos foi a altura de planta (AP), pois apresentou as maiores estimativas de parâmetros genéticos, coeficientes de correlação genética. Já MORAES (2008), observou que os caracteres TPH, TCH, FB, PCC, BX e

ATR apresentaram herdabilidade média favorável ao processo de seleção entre as famílias envolvidas.

Vantagem adicional com os estudos de famílias refere-se à viabilidade de inferir sobre os valores genéticos dos parentais baseados na performance de suas progênes (COX e STRINGER, 1998). Foi a partir de estudos de famílias realizados na Austrália no início da década de 70, que houve contribuição para estudos e seleção de parentais e cruzamentos potenciais para se chegar a populações de cana-de-açúcar melhoradas (KIMBENG e COX, 2003). Os melhores genitores seriam explorados em cruzamentos preferenciais. Aliado a isto, a seleção de clones elites poderiam indicar os novos genótipos a serem utilizados diretamente nas etapas de cruzamento.

Os estudos descreveram que o conteúdo de açúcar, e as respectivas medidas correlacionadas tais como o brix na cana e pol na cana, possui uma proporção elevada da variação genética total sob o controle genético aditivo (BROWN et al., 1968, 1969; HOGARTH, 1971a; HOGARTH e SKINNER, 1987; HOGARTH et al., 1981). Contrastando com caráter principal sob a seleção em programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, que se refere ao caractere rendimento de colmo por hectare, que o controle genético não aditivo pode ser considerado mais importante (HOGARTH e SKINNER, 1987).

2.2. Seleção de Indivíduos

Segundo SKINNER et al., (1987) na seleção individual os caracteres a ser explorados são os de alta herdabilidade, como brix e resistência a doença, e os caracteres relativos a produtividades não devem ser eficientes. Para estes caracteres a seleção individual pode até ser superior àquela entre famílias, reduzindo também o risco de descartar indivíduos superiores de famílias com baixa médias fenotípicas. A maior dificuldade nesta seleção é a viabilidade econômica para avaliar cada planta individualmente, em detrimento da avaliação de um número elevado de plântulas. Na prática, as avaliações individuais normalmente são realizáveis, já que a maioria dos

genótipos pode ser descartada visualmente pelo seu vigor, evitando leituras desnecessárias de brix.

Na seleção individual, também chamada de seleção massal, as plantas são selecionadas com base em seus valores fenotípicos, pois, nesta fase não há repetição dos genótipos avaliados. É considerado um método que possibilita uma reposta rápida, principalmente em populações com variabilidade genética (FALCONER e MACKAY, 1996). Nesta seleção cada genótipo encontra-se repetido uma só vez e em um único ambiente, ou seja, os indivíduos são diferentes geneticamente nas famílias. Sendo assim, a avaliação é visual e com base em características indiretas de produção, ou seja, caracteres secundários que estão correlacionados com a produção final em tonelada de pol por hectare (TPH). É o caso dos caracteres estatura de plantas, diâmetro de colmos, número de perfilhos e o brix (%) cana (MATSUOKA, 2005).

Conseqüentemente, para selecionar um indivíduo superior para produtividade de açúcar por hectare, há a necessidade de considerar características secundárias para selecionar o caráter principal, sendo ainda, que estas características possuem baixa herdabilidade (SKINNER, 1982; KIMBENG e COX, 2003).

Ao estudar a seleção seqüencial em cana-de-açúcar, (BRESSIANI, 2001) relata que a avaliação visual na fase T1 “seedlings” realizada para caracteres secundários (altura média do colmo, diâmetro do colmo, número de colmo e número de perfilho) e que estão correlacionados com a produção final, deveria ser considerada como um método para eliminar os indivíduos que fossem realmente desfavoráveis. Desta forma, espera-se que a seleção seja eficiente, mesmo para os caracteres de baixa herdabilidade, para a população como um todo.

Para SKINNER (1982), a realização da seleção em plantas individuais a eficiência tende a ser restrita devido a baixa herdabilidade dos caracteres selecionados. Com isso, a eficiência do melhoramento da cana-de-açúcar irá depender da quantidade de variabilidade existente na população base a ser explorada, da herdabilidade do caráter a ser melhorado e da extensão do ganho genético deste caráter selecionado nesta fase a seleção deveria

basear-se em características de alta herdabilidade, como brix (%) cana e resistência ao carvão e à ferrugem (BRESSIANI, 2001).

3. Variância e parâmetros genéticos

3.1. Análise de Variâncias

Com relação ao estudo da variabilidade genética, RAMALHO, et al. (2001) afirma que todos os programas de melhoramento, é de fundamental importância o conhecimento da variabilidade devido as diferenças genéticas existentes, manifestadas pelos caracteres de importância agrônômica.

A variabilidade fenotípica pode ser conhecida através das estimativas de parâmetros genéticos tais como: herdabilidade, variâncias genotípicas e fenotípicas, entre outros, que refletem a natureza do material genético e a ação do ambiente, o que permite a utilização de estratégias de melhoramento adequadas e a predição dos ganhos com a seleção (ROSSMANN, 2001).

Estudos em genética quantitativa revelaram que a variância genética aditiva é mais importante que a variância genética não-aditiva para a maioria dos caracteres de importância agroindustrial da cana-de-açúcar. A principal exceção é para a produção de colmos, onde ambas variâncias parecem ser igualmente importantes (HOGARTH, 1977; HOGARTH et al., 1981 e BASTOS et al., 2003).

Os resultados obtidos por HOGARTH et al. (1981), mostraram que a variância genética aditiva foi superior para brix, número, diâmetro e altura de colmos. Também relataram a significância da variância genética não-aditiva para todas as características, exceto para brix e número de colmos. Esses resultados concordam com os obtidos por BASTOS et al. (2003) que verificou ser os efeitos gênicos aditivos tão importantes quanto os efeitos gênicos não-aditivos na expressão dos caracteres de importância econômica da cana-de-açúcar.

SANTANA (2007) estudando alguns caracteres fenotípicos em genótipos de cana-de-açúcar na Zona da Mata de Pernambuco, encontrou variâncias genéticas expressivas

para altura de colmos e área foliar, sendo que, o coeficiente de variação genético e herdabilidade média foram maiores para área foliar, altura e peso de colmos.

SILVA (2008) avaliando dezoito genótipos em cana-planta na Zona da Mata de Pernambuco observou significância para número, altura e peso de colmos, toneladas de cana por hectare e toneladas de pol por hectare.

PEDROZO (2006) observou que na fase T2 de seu experimento, os caracteres altura, diâmetro, peso médio do colmo, brix e produção estimada de colmos, não houve significância entre as médias de tratamentos, provavelmente, devido a falta de seleção durante a obtenção dos clones na fase T1. Já para os caracteres número de colmos por metro, tonelada de colmos por hectare e tonelada de brix por hectare, houve significância, ao nível de 5% de probabilidade, confirmando a importância do caráter número de colmos para a seleção na fase T1.

MORAES (2008) analisando os caracteres tonelada de açúcar por hectare, tonelada de cana por hectare e brix, encontrou significância pelo teste F aplicado a 1% de probabilidade entre as famílias avaliadas para todas as variáveis estudadas, evidenciando alto grau de variabilidade genética entre as famílias avaliadas.

3.2. Parâmetros Genéticos

VENCOVSKY & BARRIGA (1992) afirmam que o conhecimento de parâmetros genéticos, tais como: coeficiente de determinação fenotípica, componentes de variabilidade genotípica e índice de variação (CV_g/CV_e), controlando um determinado caráter, é de grande importância para o melhorista, visto que estes indicam o método de melhoramento mais adequado à cultura, maximizando ganhos com a seleção.

Para o melhoramento genético é de fundamental importância estimar os parâmetros genéticos, pois revela os efeitos envolvidos na obtenção de novas populações melhoradas. Onde, a magnitude da variabilidade genética é possível ser identificada por meio destes parâmetros, os efeitos causados pelo ambiente, as herdabilidades dos caracteres estudados, ampla e restrita, a variância genética aditiva e de dominância e a variância

genotípica, no caso de plantas propagadas assexuadamente. Permite ainda, estimar o efeito da interação genótipos x ambientes, o tipo de manejo e a influência do tamanho amostral ou de parcelas (RESENDE, 2002). De acordo com COSTA et al. (2000), o sucesso da seleção em programas de melhoramento depende da variação genética na população.

FALCONER (1972), descreve a herdabilidade como a proporção da variância total atribuída aos efeitos médios dos genes, tendo como principal objetivo predizer a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genético. BREWBAKER (1969) em um de seus trabalhos apresenta Lush como o primeiro a estimar o coeficiente de herdabilidade, definindo-o como a proporção genética da variância fenotípica total. O conhecimento da magnitude do coeficiente de herdabilidade possibilita uma maior eficiência nos trabalhos de melhoramento, uma vez que este auxilia na definição das estratégias de seleção e prediz o ganho do caráter em estudo (FEHR, 1987).

ALLARD (1971) explica que o coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido amplo quanto no restrito, pode variar de zero a um. Quando $h^2 = 0$ a variação do caráter não tem origem genética, ou seja, é devida apenas às condições ambientais, não existindo qualquer correlação entre o valor genético e o valor fenotípico. Quando $h^2 = 1$, as diferenças fenotípicas existentes entre os indivíduos são totalmente de origem genética. Segundo LYNCH e WALSH (1998), valores negativos de variância e herdabilidade média são considerados por autores como valores nulos, ou seja, igual a zero, isto evita embaraços na discussão dos dados, possibilitando a ocorrência de herdabilidade negativa quando a variância genética é baixa.

Outro parâmetro de fundamental importância na seleção de genótipos promissores é o índice b , obtido pela razão entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental. Para VENCOVSKY & BARRIGA (1992) quando o índice b atinge valor igual ou superior a um indica um grande potencial das famílias para fins de melhoramento.

Com relação aos parâmetros genéticos a literatura registra vários trabalhos, a exemplo de HOGARTH (1971a), HOGARTH et al. (1981), CESNIK e VENCOVSKY

(1974), WU e TEW (1989), HOGARTH e BULL (1990) e BRESSIANI (2001), que realizaram estudos sobre estimativas de parâmetros genéticos em cana-de-açúcar.

SANTANA (2007) estudando o comportamento de genótipos em cana-planta encontrou valores altos de herdabilidade média para o entrenós, área foliar, peso e altura de plantas. Na população de dezoito genótipos de cana-planta avaliada por SILVA (2008), os valores de herdabilidade média foram de alta magnitude para o número, altura e peso de colmos.

MORAES (2008), avaliando progênes de cana-de-açúcar na fase inicial de seleção (T1) verificou que as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), pol na cana (PC) e brix na cana (BC) apresentaram herdabilidades médias elevadas, indicando possibilidade de sucesso na seleção desses caracteres entre as famílias estudadas.

PEDROZO (2006) observou que na fase T1 houve destaque para a relação CV_g/CV_e superior a unidade para os caracteres brix e altura de colmos (1,42 e 1,38), possibilitando, assim, uma provável seleção, por meio destes caracteres, pois os mesmos apresenta uma baixa influência do ambiente. Já na fase T2 a relação foi inferior a unidade para todos os caracteres avaliados. Na estimativa da herdabilidade genética entre as duas fases de seleção estudadas houve grande variação. As maiores variações foram encontradas para altura de colmos, sendo a estimativa de 0,66 na fase T1 em média e 0,22 na fase T2.

CONCLUSÕES

A presença de variabilidade genética entre as famílias oriundas do cruzamento de irmãos germanos em cana-de-açúcar, constatada na população analisada possibilita selecionar as melhores famílias com base em características de produção agroindustrial.

Na população avaliada existe a possibilidade para seleção de famílias oriundas do cruzamento de irmãos germanos para maturação precoce com base no brix % cana (BC).

A seleção de famílias na fase T2 do melhoramento de cana-de-açúcar pode ser uma estratégia importante para identificar indivíduos com elevados valores genotípicos, com possibilidade de seleção de clones potencialmente produtivos em TCH e TBH.

Avaliação aos três meses de idade da planta não contribuiu para a seleção de famílias.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blüchner, 1971. 381p.

ANDRADE, J. C. **Esboço histórico das antigas variedades de cana-de-açúcar**. Alagoas: ASPLANA, 1985. 285p.

ANUÁRIO BRASILEIRO DA CANA-DE-AÇÚCAR, 2007. Disponível em <http://www.anuarios.com.br>. Acesso em setembro de 2009.

BALSADI, O. V.; FARIA, C. A. C.; NOVAES FILHO, R. Considerações sobre a dinâmica recente do complexo sucroalcooleiro no Estado de São Paulo. **Informações Econômicas**, São Paulo, v.26, n.4, p.21-29, 1996.

BARBOSA, G. V. S.; SOUZA, A. J. R.; ROCHA, A. M. C.; RIBEIRO, C. A. G.; FERREIRA, J. L. C.; SOARES, L.; CRUZ, M. M.; SILVA, W. C. M. Novas variedades RB de cana-de-açúcar para Alagoas. Maceió: UFAL; 2000. 16p. (Boletim Técnico Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar, 1)

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**, v.62, n.2, p199-206, 2003.

BASTOS, I. T. **Capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*)**. Viçosa : 2001, p.48. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa.

BOND, R.S. Observations on family selection in the mount Edgecombe sugarcane breeding programme. IN: SOUTH AFRICAN SUGAR TECHNOLOGISTS' ASSOCIATION ANNUAL CONGRESS, 63, Durban and mount Edgecombe, 1989. **Proceedings**. mount Edgecombe: South African Sugar technologist' Association, 1989. P. 132-135.

BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: Editora UFV, 453p. 1998.

BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. Breeding strategies for clonally propagated potatoes. In: BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. (Ed.). Potato genetics. Wallingford: CAB International, 1994. p. 467-497.

BRADSHAW, J. E.; TODD, D.; WILSON, R. N. Use of tuber progeny tests for genetical studies as part of a potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 100, n. 5, p. 772-781, May 2000.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Balanco nacional da cana-de-açúcar e agroenergia 2007**. Brasília, DF. 139p. 2007.

BREWBAKER, J.L. **Genética na agricultura**. São Paulo, Polígono, 217p. 1969.

BRESSIANI, J. A. Herdabilidade e repetibilidade na cultura da cana-de-açúcar. 1993. 66 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1993.

BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 133p. Tese (Doutorado em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

BROWN, A. H. D.; DANIELS, J.; LATTEER, B. D. H.; 1968. Quantitative genetics of sugarcane. I. Analysis of variation in a commercial hybrid sugarcane population. **Theoretical and Applied Genetics**, 38, 361-369, 1968. (Abstract)

BROWN, A. H. D.; DANIELS, J.; LATTEER, B. D. H.; 1969. Quantitative genetics of sugarcane. II. Correlation analysis of continuous characters in relation to hybrid sugarcane breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, 39, 1-10, 1969. (Abstract)

BULL, J. K.; HOGARTH, D. M.; BASFORD, K. E. Impact of genotype x environment interactions on response to selection in sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Melbourne, v. 32, n. 6, p. 731-737, 1992.

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

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

CESNIK, R.; VENCOVSKY, R. **Expected response to selection, heritability, genetic correlations and response to selection of some characters in sugarcane**. In: Proceedings of Congress of the International Society of Sugarcane Technologists, 15th. Durban. International Society of Sugarcane Technologists, Durban, South Africa p.96-101, 1974.

CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potencial of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. *Theoretical and Applied Genetics* 84:662-671. 1992.

CONAB. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/conabweb/index>. Acesso em: setembro de 2009.

COSTA, R. B.; REZENDE, M. C. V.; ARAÚLO, A. J.; GONSALVES, P. S.; BORTOLETTO N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35 n.2, p. 381-388, 2000.

COX, M. C.; HOGARTH, D. M. The effectiveness of family selection in early stages of asugarcane improvement program. In: Australian Plant Breeding Conference, v.10. Bundaberg, 1993. **Proceedings...** Brisbane, p.53-54, 1993.

COX, M. C.; STRINGER, J. K. Efficacy of early generation selection in a sugarcane improvement program. **Proceedings Australian Society Sugarcane Technologists**. v. 20, p148-153, 1998.

DINIZ, M. C. D. R. Número de clones por família, seleção clonal e seleção de famílias em programas de melhoramento de batata. 2002. 125 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

DUDLEY, J. W.; MOLL, R. H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Science*, Madison, v.9, n. 3, p.257-262, 1969.

FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. México, Continental, 1972. 430p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.

FALCONER, D. S. *Introduction to quantitative genetics*. London : Longman Group, 2ed, 1981. 340p.

FALCONER, D. S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, MG: Imprensa Universitária da UFV, 279p. 1987.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. (Ed.) *Introduction to quantitative genetics*. 4 ed. New York: Longman, 464p. 1996.

FEHR, W.R. **Breeding methods for cultivar development**. In: WILCOX, J. R., ed. *Soybeans: improvement, production and uses*. 2.ed. Madison, ASA/CSSA/SSSA, p.249-293. 1987.

FERREIRA, A.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; HOFFMANN, H. P.; VIEIRA, M. A. S.; BASSINELLO, A. I.; SILVA, M. F. Repetibilidade e número de colheitas para a seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.40, p.761-767, 2005.

GOPAL, J. Progeny selection for agronomic characters in early generations of potato breeding programme. *Theoretical Applied Genetic*, Berlin, v. 95, n. 3, p. 307-311, Aug. 1997.

GOPAL, J. Between and within variation and family selection in potato breeding programmes. *Journal of Genetics and Breeding*, v. 36, p. 201-208, 2001.

HOGARTH, D. M.; BULL, J. K. The implications of genotype x environment interactions for evaluating sugarcane families. I. Effect on selection. In KANG, M. S. **GE interaction and plant breeding**. Louisiana State University, Baton Rouge, USA. p.335-346, 1990.

HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 28, p. 257-268, 1977.

HOGARTH, D. M.; WU, K. K.; HEINZ, D. J. Estimating genetic variance in sugar cane using a factoring cross design. **Crop Science** : Madison, v.21, p.21-25, 1971a. (Abstract)

HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies in sugarcane; II: correlations and predicted responses to selection. **Australia Journal Agriculture**, v.22, p.103-109, 1971b. (abstract)

HOGARTH, D. M.; WU, K. K.; HEINZ, D. J. Estimating genetic variance in sugar cane using a factorial cross design. **Crop Science**, Madison, v.21, p.21-25, 1981.

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

JACKSON, P. A.; MCRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. *Fiel Crops Research*, Amsterdam, v. 43, n. 2/3, p. 109-118, 1995.

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

KIMBENG, C. A.; MCRAE, T. A.; COX, M. C.; STRINGER, J. K. Optimising early generation selection in sugarcane breeding. **Proceedings...** International Society Sugarcane Technologists. v. 24, n. 2, 448-493, 2001a.

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

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...** Australian Society Sugarcane Technologists, v.22, p.163-169, 2000.

LANDELL, M. G. A.; ALVAREZ R.; ZIMBACK, L.; CAMPANA M. P.; SILA, M. A.; PEREIRA, J. C. V. N. A.; PERECIN D.; GALLO, P. B.; MARTINS, A. L. M.; KANTHACK, A.; FIGUEIREDO P.; VASCONCELOS C. M. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em Latossolo Roxo da Região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, Campinas. v. 58, n.2, p.1-13, 1999.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland, Sinauer Associates, 980p. 1998.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; CALHEIROS, G. G. Híbridação em cana-de-açúcar. In: BOREM, A. (ed.). Híbridação Artificial de Plantas. 1 ed. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa : Editora da UFV, v.1, p.221-254, 1999.

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

MORAES, M. F. **Avaliação de progênies na fase inicial t1, para indicação de Genitores elites de cana-de-açúcar para Pernambuco**. Recife-PE: 2008. 82. Dissertação (mestrado em agronomia), Universidade Federal Rural de Pernambuco.

NEELE, A. E. F.; LOUWES, K. M. Early selection for chip quality and dry matter content in potato seedling populations in greenhouse or screenhouse. *Potato Research*, Wageningen, v. 32, n. 30. p. 293-300, 1989.

ORTIZ, R.; CABALLERO, A. Effectiveness of early sugarcane selection procedures in Cuba. IN: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 20., São Paulo, 1989. **Proceedings**. São Paulo: The Organizing committee, 1989. P. 932-937.

PEDROZO, C. A. **Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. Viçosa-minas gerais: 2006. 102p. Dissertação (mestrado em genética e melhoramento), Universidade Federal de Viçosa.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 2.ed. Lavras: UFLA, 472p. 2001.

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

ROSSE, L.N.; VENCOVSKY, R.; FERREIRA, A. Comparação de métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.37, p.25-32, 2002.

ROSSMANN, H. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos. 2001. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba.

SANTOS, J. M. **Caracterização fisiológica e influência da época de plantio no florescimento de cultivares de cana-de-açúcar**. Rio Largo – Alagoas: 2007. Dissertação (mestrado em agronomia), Universidade Federal de Alagoas.

SANTANA, M. S. **Avaliação agroindustrial e genética de clones RB de cana-de-açúcar na zona da mata de Pernambuco**. Recife-PE: 2007. p. 81. Dissertação (mestrado em agronomia), Universidade Federal Rural de Pernambuco.

SILVA, M. A.; LANDELL, M. G. A.; GONÇALVES, P. S.; BRESSIANI, J. A.; CAMPANA, M. P. Estimates of general and specific combining ability for yield components in a partial sugarcane diallel cross. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.4, p.107-112, 2002.

SILVA, G. C. **Seleção de clones RB de cana-de-açúcar no litoral sul da zona da mata de pernambuco utilizando técnicas multivariadas**. Recife – PE: 2008. Dissertação (mestrado em agronomia), Universidade Federal Rural de Pernambuco.

SIMMONDS, N.W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, v.90, p.201-208, 1996.

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

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

STUPIELLO, J. P. Conversando com a cana. **STAB**. açúcar, álcool e subprodutos. Piracicaba, v.20, n.6, p.38, 2002.

SOUZA JR., C. L. **Componentes de variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba : FEALQ, 134p. 1989.

SUKARSO, G. Assessment of family selection on original seedlings of sugarcane at pasuruan. IN: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 19., Jakarta, 1986. **Proceedings**. Jakarta; The Organizing committee, 1986. p. 440-446.

TAI, P.Y.P.; MILLER, J.D. Family performance at early stages of selection and frequency of superior clones from crosses among canal point cultivares of sugarcane. **Journal of the American Society of Sugarcane Technologists**, v.9, p.62-70, 1989.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no melhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.

VIEIRA, S.O.; MILLIGAN, S.B. Intrarow plant spacing and family x environment interaction effects on sugarcane family evaluation. *Crop Science*, v.39, p.358-364, Mar./Apr. 1999.

WU, K. K.; TEW, T. L. Evaluation of sugarcane crosses by family yields. In: Proceedings of Congress of the International Society of Sugarcane Technologists, 20; São Paulo, 1989. **Annals**. International Society of Sugar Cane Technologists. 1989. p. 926-931.