

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"**

**Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais
do melhoramento da cana-de-açúcar**

Danilo Eduardo Cursi

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2016**

**Danilo Eduardo Cursi
Engenheiro Agrônomo**

**Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais
do melhoramento da cana-de-açúcar**

Orientador:

Prof. Dr. **ANTONIO AUGUSTO FRANCO GARCIA**

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2016**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP**

Cursi, Danilo Eduardo

Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar / Danilo Eduardo Cursi. – – Piracicaba, 2016 .
72 p.

Dissertação (Mestrado) – – USP / Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”.

1. Seleção de famílias 2. Ganhos de seleção 3. Irmãos-completos 4. Modelos mistos 5. *Saccharum officinarum* L. . I. Título.

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, **João Cursi e Rosi Cursi**,
que sempre me incentivaram, apoiaram e se esforçaram
para que mais um sonho fosse realizado;
À minha noiva **Patrícia**,
que sempre esteve ao meu lado quando mais precisei,
Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida.

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, através do programa de Pós-Graduação em “Genética e Melhoramento de Plantas”.

Ao Prof. Dr. Antonio Augusto Franco Garcia, pela oportunidade em fazer parte de seu brilhante grupo de alunos e, principalmente, pela orientação. Foram dois anos que me fizeram crescer e amadurecer tanto pessoalmente quanto profissionalmente.

Aos Professores do Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, pelo ensinamento e convívio ao longo desses anos.

Ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (RIDESA/UFSCar), pelo apoio financeiro.

Ao Prof. Dr. Hermann Paulo Hoffmann, por sempre me proporcionar grandes oportunidades e, acima de tudo, confiar no meu potencial. Serei eternamente grato !

À Prof^a. Dr^a. Monalisa Sampaio Carneiro, pelas valiosas conversas, conselhos e, principalmente, amizade.

Ao Prof. Dr. Rodrigo Gazaffi, que por inúmeras vezes me ajudou e contribuiu com diversas ideias.

Ao pesquisador Dr. Mike Cox, da *Sugar Research Australia – SRA*, o grande precursor e incentivador para que eu iniciasse estudos com seleção entre e dentro de famílias. Além da grandiosa amizade que construímos ao longo desses anos.

À pesquisadora Dr^a. Joanne Stringer, também da *Sugar Research Australia - SRA*, pela ajuda substancial para o aprendizado da abordagem de análise espacial; mesmo não sendo aplicado neste estudo. Foram muito valiosos os inúmeros emails trocados !

À todos os colegas de trabalho que participaram e contribuíram para que este estudo fosse realizado: Adriana Uccella, Antonio Ribeiro, Carlos Loureiro, Daniel Delloso, Fernando Dias, Flávio Costa, Igor Nunes, José Ciofi, José Adalberto da Cruz, Murilo Perticarari, Plínio Zavaglia, Roberto Chapola, Sandro Ferrarez, Stela Scalabrin, Thiago Balsalobre e Valdir Guedes.

Aos amigos do laboratório de Genética Estatística: João Bachega, Guilherme Pereira, Rodrigo Amadeu, Cris Taniguti, Marcelo Molinari, Carina Anoni, Maria Izabel, Leticia Lara, Felipe Ferrão, Adriana Gianotto, Jhonathan Pedroso, Marianella Quezada, e aos “agregados” Amanda Avelar e Fernando Correr, pelo magnífico convívio e aprendizado.

À todo pessoal do laboratório de Genética Estatística que contribuí para que fosse possível escrever a dissertação em \LaTeX .

À Carina Anoni, que desde os primeiros dias me ajudou em parte das análises e interpretação dos dados, sempre com muita dedicação e paciência.

À minha família, João (pai), Rosi (mãe), Diego (irmão), Ariele (cunhada), Liliane (irmã), Alex (cunhado), Patrícia (noiva), Sávio (sogro), Márcia (sogra), Neto (cunhado), Camila (cunhada), e para a mais nova e amada integrante da família, Laís (afilhada). Vocês sempre serão minha fonte de inspiração.

À minha sogra Márcia pela brilhante contribuição com a correção ortográfica e gramatical do texto e ao grande amigo Dr. Antonio Beraldo (“Toninho”) pelas valiosas sugestões e correções.

À todos os funcionários e estagiários que fizeram parte da equipe do Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da RIDESA/UFSCar, entre os anos de 2011 e 2016.

Aos funcionários de campo do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da RIDESA/UFSCar.

Aos funcionários do Departamento de Genética da ESALQ/USP: Seu Antônio, Marcos, Valdir, Berdan, Léia, Macedônio, Fernandinho e os demais, pela contribuição.

EPÍGRAFE

*"Pensar é o trabalho mais difícil que existe.
Talvez por isso tão poucos se dediquem a ele."*

Henry Ford (30/07/1863 - 07/04/1947)

*"Thus, the task is not so much to see what no one yet has seen,
but to think what nobody yet has thought about that which everybody sees."*

Arthur Schopenhauer (22/02/1788 - 21/09/1860)

SUMÁRIO

Resumo	8
Abstract	9
Lista de Figuras	10
Lista de Tabelas	11
1 Introdução	13
2 Revisão Bibliográfica	15
2.1 Importância e Melhoramento da Cana-de-açúcar	15
2.2 Geração de variabilidade genética	16
2.2.1 Seleção de genitores	17
2.2.2 Tipos de cruzamentos	18
2.3 Seleção e clonagem nas etapas iniciais	19
2.4 Métodos de seleção em fases iniciais	19
2.4.1 Seleção massal ou individual	19
2.4.2 Seleção de famílias	20
2.4.3 Seleção sequencial	22
2.4.4 Seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$)	22
2.4.5 Seleção via blup individual ($BLUP_i$) e blup individual simulado ($BLUP_{is}$)	23
2.4.6 Escolha do método de seleção	23
2.5 Seleção em etapas posteriores	24
2.6 Parâmetros genéticos	25
2.6.1 Componentes de variância	25
2.6.2 Herdabilidade	25
2.7 Modelos mistos aplicados ao melhoramento da Cana-de-açúcar	27
3 Material e Métodos	29
3.1 Material	29
3.1.1 População base	29
3.1.2 Implantação, avaliação e análise experimental	29
3.1.3 Experimento - Primeira etapa	29
3.2 Métodos	29
3.2.1 Seleção individual ou massal	29
3.2.2 Seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$)	30
3.2.3 Seleção via blup individual ($BLUP_i$) e blup individual simulado ($BLUP_{is}$)	31
3.2.4 Seleção aleatória	33
3.2.5 Experimento - Segunda etapa	33
3.2.6 Coleta e análise dos dados	34
4 Resultados	35
4.1 Experimento - Primeira etapa	35
4.1.1 Seleção individual ou massal	35
4.1.2 Componentes de variância e parâmetros genéticos	35
4.1.3 Correlação entre caracteres	38
4.1.4 Seleção sequencial australiana: $BLUP_{seq}$	38

4.1.5	Seleção via $BLUP_i$	42
4.1.6	Seleção via $BLUP_{is}$	45
4.1.7	Seleção aleatória	49
4.1.8	Correlação entre os métodos de seleção	49
4.1.9	Escolha do método de seleção de família: Experimento - Primeira etapa	50
4.2	Experimento - Segunda etapa	51
5	Discussão	55
6	Conclusões	59
	Referências	61
	Apêndices	69

RESUMO

Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar

De forma geral, as fases iniciais dos programas de melhoramento se caracterizam pelo tamanho populacional elevado e a natureza subjetiva da seleção. Por serem consideradas etapas de grande importância e de alto grau de complexidade, torna-se necessário a utilização de metodologias que, de forma eficiente, auxiliem os melhoristas a obterem resultados mais precisos, otimizando tempo e recursos para liberação de novas cultivares. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar o nível de ganho genético que um programa de melhoramento de cana-de-açúcar pode ter, adotando diferentes estratégias de seleção, em fases iniciais do melhoramento. Para tanto, dois experimentos referentes à primeira e à segunda fase de seleção do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da RIDESEA/UFSCar, foram instalados. Na primeira etapa, identificou-se o método de seleção entre e dentro de família ($BLUP_i$, $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$) com maior potencial a ser aplicado na população base do experimento, utilizando a abordagem de modelos mistos. Posteriormente, praticou-se seleção, incluindo o método massal e aleatória. Na segunda etapa, a população experimental foi constituída pelos clones previamente selecionados na etapa anterior, através das diferentes estratégias de seleção. Os valores genotípicos dos indivíduos foram preditos, e então, classificados de acordo com o caráter de interesse econômico. Na primeira etapa, dentre os métodos de seleção entre e dentro de família, o que apresentou maior ganho de seleção predito (12,7%), para toneladas de Pol por hectare (TPH), foi o procedimento $BLUP_{seq}$. O método $BLUP_{is}$ apresentou alta correlação com o método de seleção via $BLUP_{seq}$ e se mostrou bastante eficiente, uma vez que, o número de indivíduos a serem selecionados em cada família é determinado de forma dinâmica, assim como a intensidade de seleção em cada repetição. Por outro lado, o método $BLUP_i$ apresentou-se impraticável, uma vez que as avaliações fenotípicas devem ser realizadas em nível de indivíduo, o que demanda muito tempo e mão de obra, além do que, identificou-se tendência em selecionar indivíduos das extremidades das parcelas. De acordo com os resultados obtidos no experimento - segunda etapa, devido a baixa variância genética ($CV_g \leq 15$) entre as famílias que constituíram a população base do experimento, o método de seleção de família via $BLUP_{seq}$ foi equivalente ao método de seleção massal. Por outro lado, se ênfase for dada na escolha de genitores em etapas de hibridação para a ampliação da base genética, o método de seleção de família pode ser recomendado.

Palavras-chave: Seleção de famílias, Ganhos de seleção, Irmãos-completos, Modelos mistos, *Saccharum officinarum* L.

ABSTRACT

Comparative analysis of different selection methods at early stages of sugarcane breeding

Overall, the early stages of breeding programs are characterized by high population size and the subjective nature of the selection. Considered as a stage of great importance and with high degree of complexity, it becomes necessary to use methodologies that efficiently assist plant breeders to obtain more accurate results, optimizing time and resources for releasing new cultivars. Thus, the aim of this study was to evaluate the genetic gain level that a sugarcane breeding program may have, adopting different selection strategies at early breeding stages. Therefore, two experiments concerning the first and the second selection stages of the Sugarcane Breeding Program of RIDESA/UFSCar, were installed. In the first step, the method of selection between and within families ($BLUP_i$, $BLUP_{is}$ and $BLUP_{seq}$) with greatest potential to be applied into the population of the experiment were identified, through mixed models approach. Later, the selection was practiced including the mass and random selection methods. In the second stage, the experimental population consisted of clones previously selected in the previous stage through the different selection strategies. The genotypic values of individuals were predicted, and then classified according to the character of economic interest. In the first stage, from the selection methods between and within families, the $BLUP_{seq}$ procedure was the one with highest predicted selection gain (12.7 %) for tons of Pol per hectare (TPH). The $BLUP_{is}$ procedure showed high correlation with $BLUP_{seq}$ procedure and was quite efficient, since the number of individuals to be selected in each family is determined dynamically, as well as the selection intensity in each repetition. Moreover, the $BLUP_i$ method proved to be impracticable, since the phenotypic evaluations must be performed at the individual level, which requires long time and labor force, in addition to that, it was identified trend in selecting individuals from the plots edges. According to the results of the second stage experiment, due to low genetic variance ($CV_g \leq 15$) among the families which composed the experimental population base, the family selection via $BLUP_{seq}$ was equivalent to mass selection. On the other hand, if emphasis is given on the choice of parents in hybridization steps to broaden the genetic basis, the family selection method can be recommended.

Keywords: Family selection, Selection gain, Full-sib, Mixed models, *Saccharum officinarum* L.

LISTA DE FIGURAS

2.1	Esquema de seleção sequencial conforme modelo original. No eixo Y tem-se a taxa de seleção entre plantas e no eixo X o agrupamento das famílias com o valor médio do caráter classificado de forma decrescente. Entre parênteses tem-se a frequência de famílias em cada grupo. A taxa de seleção final foi de 0,15 (BRESSIANI, 2001).	22
4.1	Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (à esquerda) e genotípica (à direita) entre as variáveis estudadas: Altura : Altura média das plantas; Diâm. : Diâmetro médio dos colmos; NC : Número médio de colmos; Brix : Teor médio de sólidos solúveis; Fibra : Teor médio de fibras; Pureza : Teor médio de Pureza; Pol : Teor médio de Pol(%cana; TCH : Toneladas de cana por hectare; TPH : Toneladas de Pol por hectare.	38
4.2	Correlação entre os métodos de seleção, com base no número de indivíduos selecionados dentro de cada família, para a variável toneladas de Pol por hectare (TPH). ** correlação significativa considerando um nível de significância de 0,05.	49
4.3	Histograma dos valores genotípicos (BLUP) para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), de acordo com o método de seleção: A : Seleção aleatória (SA), curtose = -0,548 e simetria = 0,327; B : Seleção de família ($BLUP_{seq}$) (SF), curtose = -0,024 e simetria = 0,421; C : Seleção massal (SM), curtose = -0,010 e simetria = 0,077.	53
4.4	Boxplot dos valores genotípicos amostrados, via <i>bootstrap</i> , para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH). P2,5 é o percentil 2,5 e P97,5 o percentil 97,5.	53

LISTA DE TABELAS

2.1	Exemplo de esquema de seleção sequencial australiana empregado pela SRA (KIMBENG and COX, 2003; STRINGER ET AL., 2011).	23
2.2	Herdabilidade no sentido amplo baseado em plantas individuais e em famílias (entre parênteses), SKINNER ET AL. (1987); BRESSIANI (2001).	27
3.1	Intensidades de seleção diferenciada de acordo com o potencial das famílias para o caráter TPH.	31
4.1	Estimativas dos componentes de variância (REML) para os métodos $BLUP_i$, $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$, considerando as variáveis: Altura : altura média dos colmos (m); Diâm. : diâmetro médio dos colmos (mm); Brix : teor médio de sólidos solúveis (%); NC : Número médio de colmos; Peso : peso médio de cada indivíduo (kg); KBI : quilograma de Brix por indivíduo; Pol : teor médio de pol(%)cana; Fibra : teor médio de fibra; TCH : toneladas de cana por hectare; TBH : toneladas de Brix por hectare; e TPH : toneladas de pol por hectare.	37
4.2	Classificação dos valores genotípicos (BLUP) das famílias entre diversos percentis para os caracteres: TCH : toneladas de cana por hectare; TBH : toneladas de Brix por hectare; TPH : toneladas de pol por hectare; Brix : teor médio de sólidos solúveis (%); Pol : teor médio de pol(%)cana e Fibra : teor médio de fibras. Valores preditos pelo método $BLUP_{seq}$	40
4.3	Classificação dos valores genotípicos (BLUP) dos quarenta melhores indivíduos (Ind), dentro das respectivas famílias, para os caracteres: Altura : altura média dos colmos (m); Diâmetro : diâmetro médio dos colmos (mm); Brix : teor médio de sólidos solúveis (%); Nº Colmos/touc. : Número médio de colmos por indivíduo. Valores preditos pelo método $BLUP_i$	43
4.4	Classificação dos valores genotípicos (BLUP) dos quarenta melhores indivíduos (Ind), dentro das respectivas famílias, para os caracteres: Peso Ind. : peso médio de cada indivíduo (kg); KBI : quilograma de Brix por indivíduo; TCH : toneladas de cana por hectare de cada indivíduo. Valores preditos pelo método $BLUP_i$	44
4.5	Valores dos efeitos genotípicos positivos ($g_{relativo}$) e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) para os caracteres: Altura : altura média dos colmos (m); Diâmetro : diâmetro médio dos colmos (mm); Nº Colmos/ind. : Número médio de colmos por indivíduo. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$	46
4.6	Valores dos efeitos genotípicos positivos ($g_{relativo}$) e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) para os caracteres: Brix : teor médio de sólidos solúveis (%); Pol : teor médio de Pol(%)cana ; Fibra : teor médio de fibra; Pureza : teor médio de pureza. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$	47
4.7	Valores dos efeitos genotípicos positivos ($g_{relativo}$) e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) para os caracteres: TCH : toneladas de cana por hectare (%); TBH : toneladas de brix por hectare ; TPH : toneladas de Pol por hectare. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$	48
4.8	Valores de intensidade de seleção, dentro de famílias, para os seguintes caracteres considerados na seleção do Experimento - Primeira etapa: KBI : quilograma de Brix por indivíduo; TPH : toneladas de Pol por hectare. Valores preditos pelos métodos: $BLUP_i$, $BLUP_{is}$, $BLUP_{seq}$, e obtidos pelos métodos Massal e Aleatória.	50

4.9	Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais (REML) para a variável toneladas de Brix por hectare (TBH), avaliadas nos indivíduos provenientes dos métodos de seleção entre e dentro de família ($BLUP_{seq}$), massal e aleatória.	52
A.1	Relação das 92 famílias de irmão-completos de cana-de-açúcar utilizadas como população base para o estudo, obtidas no ano de 2011.	69
A.2	Valores de AIC (Akaike Information Criterion) e BIC (Bayesian Information Criterion) considerando diferentes estruturas de VCOV, ajustadas para parcela dentro de bloco, para os caracteres: Altura: Altura média das plantas; Diâm.: Diâmetro médio dos colmos; NC: Número médio de colmos; Brix: Teor médio de sólidos solúveis; Fibra: Teor médio de fibra; Pol: Teor médio de Pol(%)cana; TBH: Toneladas de Brix por hectare; TCH: Toneladas de cana por hectare; TPH: Toneladas de Pol por hectare. Valores obtidos para os métodos $BLUP_{seq}$ e $BLUP_{is}$	70
A.3	Valores de AIC (Akaike Information Criterion) e BIC (Bayesian Information Criterion) considerando diferentes estruturas de VCOV, ajustadas para indivíduo dentro de parcela dentro de bloco, para os caracteres: Altura: altura média das plantas; Diâm.: diâmetro médio dos colmos; NCT: número médio de colmos por touceira; Peso_ind.: peso médio de cada indivíduo; Brix: teor médio de sólidos solúveis; KBI: quilograma de Brix por indivíduo; TCH: toneladas de cana por hectare. Valores obtidos para o método $BLUP_i$	71
A.4	Predição dos valores genotípicos (BLUP) para cada bloco, de acordo com as respectivas famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar, considerando o caractere TPH: toneladas de Pol por hectare. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$	72

1 INTRODUÇÃO

Devido ao elevado rendimento fotossintético observado na produção da cana-de-açúcar e do processo eficiente para sua conversão em biocombustível, a utilização do etanol obtido dessa matéria-prima permite reduzir, de forma importante, as emissões de gases de efeito estufa, em comparação com o uso do combustível fóssil (gasolina). Além disso, diversos subprodutos podem ser obtidos de forma bastante eficiente e com alta rentabilidade (BNDES, 2008; YADAV and SOLOMON, 2006; COSTA *ET AL.*, 2015).

O Brasil é o maior produtor mundial dessa cultura, com uma produção de 739 milhões de toneladas, seguido pela Índia, com 341 milhões de toneladas; China, com 126 milhões de toneladas; e Tailândia, com 100 milhões de toneladas (FAO, 2013). Atualmente, a cultura da cana está presente em quase todos os estados brasileiros, ocupando cerca de 9% da superfície agrícola do país, sendo o terceiro cultivo mais importante em superfície ocupada, depois da soja e do milho. A região produtora de maior destaque é a Centro-Sul-Sudeste, com mais de 85% da produção, e o maior produtor nacional é o estado de São Paulo, com mais de 50% da produção (BNDES, 2008; CONAB, 2014; MORAIS *ET AL.*, 2015).

A cana-de-açúcar é uma planta semiperene, alógama, da família *Poaceae* (Gramínea), gênero *Saccharum*, no qual existem seis espécies: *S. officinarum* L. ($2n = 80$), *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl ($2n = 60-205$), *S. barberi* Jeswiet ($2n = 81-124$), *S. sinense* Roxb. ($2n = 111-120$), *S. spontaneum* L. ($2n = 40-128$) e *S. edule* Hassk. ($2n = 60-80$) (ROACH and DANIELS, 1987; MATSUOKA *ET AL.*, 1999a), as quais fazem parte de um complexo de espécies poliplóides altamente polimórficas.

Apesar da complexidade genômica da cana-de-açúcar, o melhoramento genético é a ferramenta que melhor contribui para o incremento de produtividade. Entre os anos de 1975 e 2010, a produtividade brasileira de cana-de-açúcar, em toneladas de cana por hectare, aumentou 66% (DAL-BIANCO *ET AL.*, 2012). Segundo WACLAWOVSKY *ET AL.* (2010), o ganho tem sido expressivo da ordem de 1,0-1,5% ao ano nos últimos anos. Esses ganhos são decorrentes do emprego de tecnologia, tanto na área agrícola como na industrial, assim como, do melhoramento genético. Entretanto, dados empíricos evidenciam que no futuro tais ganhos podem ser ainda menores (DAL-BIANCO *ET AL.*, 2012).

Diante dos diversos desafios, os programas de melhoramento buscam realizar diversos cruzamentos entre os materiais genéticos disponíveis nos bancos de germoplasma, buscando gerar o máximo de variabilidade para aumentar o acúmulo de alelos de interesse agrônômico dentro do conjunto de genes submetidos ao processo de sucessivas seleções (DE SOUZA *ET AL.*, 2011; FILHO *ET AL.*, 2011; YOU *ET AL.*, 2013).

De forma geral, as fases iniciais dos programas de melhoramento são as mais importantes e complexas. Segundo PEIXOUTO (2009), nestas fases, os programas de melhoramento trabalham com o tamanho efetivo populacional elevado buscando aumentar a probabilidade de se obter genótipos superiores. Devido ao alto número de genótipos envolvidos e outros fatores, como: avaliação de performance com base em apenas um indivíduo, parcelas pequenas e a natureza subjetiva de seleção nessas etapas, torna-se necessário a utilização de metodologias que, de forma eficiente, auxiliem os melhoristas a obterem resultados mais precisos, otimizando tempo e recursos para liberação de novas cultivares.

Em alguns países o método de seleção massal (ou individual) ainda é uma estratégia bastante utilizada em fases iniciais do melhoramento, principalmente por questões de simplicidade, apesar da sua ineficiência e subjetividade, pois baseia-se em caracteres de baixa herdabilidade (COX, 1996; BRESSIANI, 2001; ALMEIDA, 2010). Por outro lado, estratégia em selecionar todo o conjunto de indivíduos, ou rejeitá-los, respeitando estrutura de família, de acordo com o valor fenotípico médio da família, vem sendo estudado e praticado em diversos países (RESENDE and BARBOSA, 2006; SHANTHI *ET AL.*, 2008; STRINGER *ET AL.*, 2011; ZHOU *ET AL.*, 2013).

A eficiência deste método baseia-se no fato de que a média fenotípica da família aproxima-se do valor genotípico médio. Assim, espera-se que este método de seleção seja eficiente para os caracteres que apresentam

baixa herdabilidade e alta variabilidade genética entre as famílias estudadas.

Neste contexto, para a adoção de qualquer método de seleção, deve-se, primeiramente, realizar estudos comparativos. Um procedimento válido seria a utilização de métodos de genética quantitativa, que tem fornecido as bases teóricas não só para a comparação dos vários métodos, mas também sobre os diferentes modos pelos quais a eficiência pode ser aumentada. O emprego da genética quantitativa, quando associado à simulação computacional, permite uma excelente abordagem desta questão (RAMALHO *ET AL.*, 2012).

Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o nível de ganho genético que um programa de melhoramento de cana-de-açúcar pode ter, adotando diferentes estratégias de seleção, em fases iniciais do melhoramento.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Importância e Melhoramento da Cana-de-açúcar

Cada vez mais a evolução da bioenergia, em escala mundial, aponta para a redução da contribuição das fontes energéticas fósseis, enquanto as energias renováveis se expandem (REN21, 2013; GETS and MHLANGA, 2013). Dessa forma, a bioenergia, progressivamente, passa a ser reconhecida como uma forma energética moderna, competitiva e adequada, em condições de proporcionar uma nova revolução tecnológica (BNDES, 2008).

A maioria das plantas conhecidas utilizam os ciclos fotossintéticos do tipo C3. Algumas gramíneas tropicais, como a cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*), utilizam o ciclo C4. Tal distinção é relevante para o desenvolvimento de sistemas bioenergéticos, em função da grande diferença de produtividade entre tais ciclos. O ciclo C4 apresenta elevada taxa fotossintética de saturação (absorve mais energia solar), com ausência de perdas por fotorrespiração, alta eficiência na utilização da água, maior tolerância salina e baixo ponto de compensação para o CO_2 , ou seja, responde melhor sob menores concentrações desse gás. Em síntese, pode-se afirmar que os vegetais com ciclo C4 são os mais aptos à produção bioenergética (BNDES, 2008; WANG *ET AL.*, 2012).

A agroindústria de cana-de-açúcar produz uma gama crescente de diversos produtos de uso final e matérias-primas intermediárias, que ampliam seu significado econômico e permitem agregar valor ao processo como um todo. Entre esses produtos, destacam-se o açúcar (produto pioneiro e tradicional dessa indústria), o etanol e, nos últimos anos, a energia elétrica, produzida em sistemas de co-geração. Este último é conhecido há décadas e sua produção está sendo incrementada visando à geração de excedentes para a rede pública, com crescente importância no resultado econômico da agroindústria e na oferta global de eletricidade em muitos países, como o Brasil. Mais recentemente, além dos co-produtos tradicionais da cana, como: o melão, a aguardente, o bagaço, a levedura, a torta de filtro e a vinhaça, uma lista de novos produtos pode ser citada, incluindo desde realçadores de sabor para a indústria de alimentos, de químicos, de fármacos, de biológicos até produtos estruturais, como é o caso do Medium Density Fiberboard - MDF (YADAV and SOLOMON, 2006; BNDES, 2008; COSTA *ET AL.*, 2015).

Como consequência desse crescimento e diversificação da agroindústria canavieira, a cana-de-açúcar passou a ser a principal cultura nas regiões tropicais e subtropicais, ocupando uma área de aproximadamente 26 milhões de hectares em mais de 130 países (FAO, 2013). De acordo com a FAO (2013), o Brasil é o líder mundial com a produção de 739 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, seguido da Índia (341 milhões de toneladas), China (126 milhões de toneladas), e Tailândia (100 milhões de toneladas).

Na safra 2014/2015, a área colhida com cana-de-açúcar no Brasil foi de 9.004,5 mil hectares, distribuídas em todos os estados produtores. O estado de São Paulo foi o maior produtor com 52% (4.685,7 mil hectares) de área plantada, seguido por Goiás com 9,5% (854,2 mil hectares), Minas Gerais com 8,9% (805,5 mil hectares), Mato Grosso do Sul com 7,4% (668,3 mil hectares), Paraná com 7,1% (635,0 mil hectares), Alagoas com 4,3% (385,3 mil hectares) e Pernambuco com 2,9% (260,1 mil hectares). Estes sete estados foram responsáveis por 92,1% da produção nacional. Os demais estados produtores possuem áreas menores, com representações inferiores a 3% (CONAB, 2014).

Para manter a liderança e a competitividade, no momento em que o mundo está descobrindo a cana-de-açúcar como fonte de produção de diversos produtos, inúmeros países estão buscando e aperfeiçoando formas para o aumento de sua produtividade. Segundo SLEPER and POEHLMAN (2006), com o melhoramento genético de plantas torna-se possível aumentar o desempenho dos descendentes por meio de diversas maneiras. O aumento da produtividade e a melhora na qualidade são frequentemente os principais objetivos buscados. Para isso, buscam-se resistência de plantas a doenças e pragas, a adaptação a diferentes condições ambientais tais como áreas com altas temperaturas, sujeitas a condições de seca e de salinidade, entre outros riscos ambientais para produção.

A produtividade de cana-de-açúcar no Brasil aumentou 66% em toneladas de cana por hectare e 34% em

teor de açúcar por tonelada de cana entre os anos de 1975 a 2010. Este aumento foi devido ao melhoramento genético e às práticas agronômicas (CHEAVEGATTI-GIANOTTO *ET AL.*, 2011). A introdução de novas cultivares não implica em grandes mudanças no sistema de produção e sempre é uma opção na busca de ganhos de produtividade. A seleção de genótipos superiores dentro de uma população obtida pelo cruzamento de dois indivíduos é um trabalho de longa duração, e que tarda pelo menos dez anos para gerar resultados (DAL-BIANCO *ET AL.*, 2012). Em média, uma nova cultivar pode ser obtida a cada 250 mil *seedlings* avaliados na primeira etapa de seleção do programa de melhoramento (CHEAVEGATTI-GIANOTTO *ET AL.*, 2011).

As cultivares modernas correspondem a híbridos de duas espécies geneticamente complexas, derivados da hibridação interespecífica entre *S.officinarum* e *S.spontaneum* (DANIELS and ROACH, 1987). Atualmente, acredita-se que dentre os genótipos cultivados haja contribuição em proporções variáveis do genoma dessas espécies (MATSUOKA *ET AL.*, 1999b) e, ainda, cromossomos recombinantes (D'HONT *ET AL.*, 1996). O alto nível de complexidade genética na cana-de-açúcar cria grandes desafios na aplicação do melhoramento convencional e molecular.

Apesar da complexidade genômica, a obtenção de novos genótipos é relativamente facilitada devido à existência de mecanismos de propagação vegetativa, que permitem com que o genótipo de cada planta seja transmitido integralmente através das gerações, mantendo a sua identidade genética, sendo multiplicado via clonagem, por meio dos colmos. A propagação vegetativa, além de reproduzir exatamente as características genéticas de um dado indivíduo, via de regra explora o vigor heterótico de híbridos oriundos tanto de cruzamentos artificiais como naturais e também condiciona os melhoristas a procurarem combinações gênicas ideais, responsáveis por características favoráveis reunidas em um só indivíduo, visando posteriormente fixá-las com a clonagem (VALOIS *ET AL.*, 2001).

Entretanto, a maioria das características de importância econômica em cana-de-açúcar, assim como na maioria das culturas, são de herança quantitativa. Isto é, são controlados por meio da ação conjunta de muitos genes. Portanto, caracteres com este tipo de herança são estudados com medidas de tendência central (média) e dispersão (variância), ao invés da proporção fenotípica ou por padrões de herança (BERNARDO, 2010). Ainda, segundo o mesmo autor, o fator que mais contribui para a variação de uma característica quantitativa é o ambiente. É comum a obtenção de estimativas de parâmetros, como a herdabilidade, ganhos de seleção, e coeficiente de variação genético, os quais contribuem para o entendimento da magnitude relativa dos parâmetros genéticos e ambientais ou para extensão da variabilidade genética do caractere em estudo (HOGARTH, 1987).

Segundo GAZAFFI *ET AL.* (2010), o sucesso de um programa de melhoramento depende de vários fatores, dentre os quais destacam-se: a escolha adequada dos genitores objetivando maximizar a chance de obter ganhos com a seleção, a instalação de experimentos com boa precisão experimental e a escolha correta dos caracteres e épocas de avaliação. As principais etapas de um programa de melhoramento para cana-de-açúcar são: geração de variabilidade genética, seleção e clonagem nas etapas iniciais, caracterizada por experimentos com poucas repetições e pequenas parcelas, e a seleção nas etapas finais, já com número de repetições e locais suficientes para realização de experimentos com elevada precisão.

2.2 Geração de variabilidade genética

De modo geral, o melhoramento da cana-de-açúcar consiste, basicamente, em dois aspectos principais: criação de variabilidade genética, através do cruzamento entre indivíduos heterozigóticos e seleção de indivíduos superiores na população segregante (COX *ET AL.*, 2000). Para isso, a manutenção de coleções com o germoplasma básico da espécie é de extrema importância para a ampliação da base genética e na busca de genes específicos. No entanto, cada programa de melhoramento deve ter seu próprio banco de germoplasma composto por híbridos comerciais e pré-comerciais para serem explorados em estratégias de hibridação que busquem gerar variabilidade suficiente para a seleção de novas cultivares (LANDELL and BRESSIANI, 2008). Além disso, os programas de melhoramento devem

renovar de forma rápida a população utilizada para cruzamento por meio da introdução de clones elites, provenientes do programa de seleção, da introdução de genótipos de outros programas de melhoramento, seja ele nacional ou internacional, e do descarte de parentais improdutivos.

Outro aspecto de extrema importância, no processo de desenvolvimento de uma nova cultivar, é conhecer qual método de cruzamento deve ser empregado, o qual irá influenciar diretamente no sucesso do programa de melhoramento. Segundo BOROJEVIC (1990), a escolha do método de hibridização depende do conhecimento se os parentais disponíveis são capazes de assegurar a recombinação de características positivas em uma nova cultivar. Dentre os métodos tradicionais pode-se citar: seleção de parentais e cruzamento entre genitores, com posterior avaliação das progênies.

2.2.1 Seleção de genitores

A seleção dos genitores a serem utilizados em cruzamentos é uma das decisões mais importantes a serem feitas pelos melhoristas. Esta escolha será determinada pelos objetivos no curto e longo prazos, pela disponibilidade de materiais, pelo comportamento dos parentais frente ao florescimento e valores de melhoramento em combinações específicas de cruzamento e, por fim, pela quantidade de dados disponíveis de qualquer parental ou combinação (HEINZ and TEW, 1987).

Basicamente, existem alguns conceitos a serem considerados na escolha de parentais para cruzamento:

1. Comportamento *per se* dos genitores: refere-se à seleção de um grande número de cultivares para cruzamento, sob a suposição de que combinações desejadas de características positivas irão ocorrer na nova cultivar. Este é o caso quando a maior parte da variância genética é aditiva. A escolha de genitores baseado no comportamento *per se* é suportada pela experiência dos melhoristas, isto é, genótipos com alta performance tendem a gerar progênies com alta performance. Além disso, o sucesso deste conceito dependerá do número elevado de combinações de cruzamentos, dos quais alguns poderão ser promissores no desenvolvimento de novas cultivares. Isto é obtido, normalmente, pelo uso de cultivares comerciais ou pré-comerciais, por já apresentarem um conjunto de alelos de interesse (SOUZA JR., 1989; BORÉM and MIRANDA, 2013). Entretanto, um programa de melhoramento baseado apenas neste conceito apresenta muitos riscos e incertezas e, após consideráveis esforços e tempo investido, toda uma série de combinações pode vir a ser descartada (BOROJEVIC, 1990).
2. Pedigree do genitor: muito utilizado também no melhoramento animal, enfatiza a importância da diversidade genética (BORÉM and MIRANDA, 2013). Segundo COX *ET AL.* (1985), a eficiência dos programas de melhoramento pode ser elevada se a ênfase for dada na escolha de genitores com maior diversidade genética. A diversidade genética entre os potenciais genitores pode ser avaliada com base nas características agrônômicas, no grau de parentesco entre genótipos ou, mesmo, no nível de polimorfismo molecular (HEMAPRABHA *ET AL.*, 2005; QI *ET AL.*, 2012; YOU *ET AL.*, 2013; MANISH *ET AL.*, 2014).
3. Capacidade de combinação: é considerada como sendo uma técnica eficiente para seleção de genitores e cruzamentos desejáveis (HEINZ and TEW, 1987). A análise da capacidade geral de combinação (CGC), refere-se à habilidade de um genitor produzir progênies com dado comportamento quando cruzado com uma série de outros genitores. Já a capacidade específica de combinação (CEC), refere-se ao comportamento de uma combinação específica entre dois indivíduos (complementaridade) (MATSUOKA *ET AL.*, 2009; BORÉM and MIRANDA, 2013). A importância da capacidade de combinação na escolha de genitores é maior quando há efeitos genéticos não aditivos. Para avaliar as capacidades de combinação, tanto geral como específica, de uma série de genitores potenciais, podem-se utilizar os cruzamentos dialélicos. O comportamento dos híbridos F_1 estima a capacidade de combinação dos genótipos envolvidos.

4. Histórico do genitor: neste caso a escolha baseia-se em informações sobre o histórico dos genótipos como genitores (HEINZ and TEW, 1987). Caso este critério seja adotado, as cultivares mais novas não devem ser incluídas nos blocos de cruzamentos, pois o histórico do seu comportamento como genitoras só será conhecido alguns anos após seu lançamento. Este, talvez, seja o mais importante critério para escolha de genitores para o melhoramento animal, onde genitores com comprovada habilidade de transferir aos descendentes ótimas características são bastante valorizados e utilizados em cruzamentos potenciais (BORÉM and MIRANDA, 2013).
5. Conhecimento do caráter: implica na escolha de genitores para cruzamentos baseado no conhecimento de suas características que pretendem ser combinadas em novas cultivares (BOROJEVIC, 1990).
6. Conhecimento dos genes envolvidos: implica na escolha de parentais para cruzamentos com base no conhecimento da constituição genética dos caracteres de interesse (BOROJEVIC, 1990). Tal abordagem pode ser aplicada no futuro, dada a recente incorporação dos marcadores moleculares nos programas de melhoramento (BORÉM and MIRANDA, 2013). Atualmente, seu uso é ainda incipiente, devido a dificuldade de utilização em espécies poliplóides e o alto custo envolvido nas operações. Em diversas espécies os marcadores moleculares são utilizados na estimação da diversidade genética entre genótipos e, ainda, no mapeamento de regiões cromossômicas (QTLs) que afetam caracteres quantitativos. Neste caso, regiões do genoma responsáveis pela expressão de caracteres fenotípicos, que possuem distribuição contínua, são identificadas e os efeitos aditivos, de dominância, entre outros, são estimados. De forma geral, com essas informações é possível construir mapas genéticos e realizar mapeamento de QTLs.

2.2.2 Tipos de cruzamentos

A cana-de-açúcar possui flores hermafroditas, portanto a polinização pode ser realizada por meio da autofecundação ou pela fecundação cruzada (FERREIRA *ET AL.*, 2005; SANTOS *ET AL.*, 2014). A geração de variabilidade para o melhoramento é obtida por meio da fecundação cruzada, por se tratar de uma espécie alógama. São possíveis serem obtidas diversas formas de cruzamentos em cana-de-açúcar, para produção de progênes passíveis de seleção de indivíduos superiores. Dentre as mais usuais, destacam-se: cruzamentos biparentais, policruzamentos e polinização livre.

1. Cruzamentos biparentais: são utilizados apenas dois genitores conhecidos, sendo provavelmente o tipo mais empregado pelos melhoristas (BREAUX R, 1987; HEINZ and TEW, 1987; MATSUOKA *ET AL.*, 1999b). Neste tipo de estratégia, deve-se garantir de forma bastante eficaz o controle da polinização entre os genitores previamente definidos. O nível de fertilidade masculina determinará a maneira na qual o clone será utilizado no cruzamento biparental. Por exemplo, no programa de melhoramento da Austrália, realizam-se testes de polinização, onde grãos de pólen que apresentarem baixa fertilidade são considerados satisfatório para o uso como fêmeas e os demais são considerados machos (COX *ET AL.*, 2000; AMARAL *ET AL.*, 2013). Em alguns casos utiliza-se a termoterapia para induzir a esterilidade masculina.
2. Policruzamentos: um grande número de genitores selecionados é intercruzado, colhendo-se as sementes de todas as panículas, impedindo-se a identificação da fonte de pólen. Neste caso, os indivíduos são reconhecida-mente meio-irmãos por parte de mãe.
3. Polinização livre: as sementes são colhidas de inflorescências de plantas que crescem livremente, sendo raramente utilizadas. (MATSUOKA *ET AL.*, 1999b).

2.3 Seleção e clonagem nas etapas iniciais

A cana-de-açúcar é uma cultura de propagação vegetativa, ou seja, os genótipos são reproduzidos integralmente através das gerações (BRESSIANI, 2001; RAM, 2014). Esta particularidade torna o melhoramento mais eficiente, pois faz com que todos os efeitos genéticos (aditivos, dominância e epistasia) sejam aproveitados. Portanto, após a geração de variabilidade, basta proceder a seleção e clonagem dos indivíduos superiores.

A seleção na primeira etapa ocorre com indivíduos originários por meio de sementes sexuadas, denominadas de *seedlings* pelos melhoristas, em que cada *seedling* corresponde a um genótipo único. Esta etapa apresenta o maior tamanho efetivo populacional dentro do programa de melhoramento, sendo uma fase vital pois é a população base para as demais etapas (SKINNER *ET AL.*, 1987; LANDELL and BRESSIANI, 2010). A necessidade de avaliar o potencial genotípico de indivíduos, por meio de experimentos sem repetições, é um complicador. Assim, a avaliação somente é viável em caracteres de alta herdabilidade, pois a ação ambiental pode promover descartes de indivíduos com bom potencial genotípico.

Neste sentido, diferentes estratégias de seleção vem sendo estudadas e desenvolvidas (COX *ET AL.*, 1996; JACKSON and McRAE, 1998; BRESSIANI, 2001; BARBOSA *ET AL.*, 2004; RESENDE and BARBOSA, 2006; STRINGER *ET AL.*, 2011; ALVES, 2013; BERNARDES, 2013; ZHOU *ET AL.*, 2013). Basicamente, existem duas formas de selecionar genótipos: seleção massal (ou individual) e seleção de famílias. Os demais métodos são variações ou combinações desses dois métodos básicos.

2.4 Métodos de seleção em fases iniciais

2.4.1 Seleção massal ou individual

A seleção massal (ou individual) é o método mais simples em que numa dada população os indivíduos são selecionados individualmente com base apenas no seu valor fenotípico. Uma vez que o fenótipo é o único critério de seleção, sua eficiência é, obviamente, função da herdabilidade do caráter selecionado.

Segundo GONZÁLES and CUBERO (1993), as vantagens deste método são: (1) simplicidade; (2) possibilidade de avaliação de um grande número de indivíduos (plantas) em uma área experimental relativamente pequena, o que faz com que seja possível a aplicação de uma alta intensidade de seleção; (3) conclusão de um ciclo de seleção por geração.

Por outro lado, este método de seleção pode ser impraticável, devido às dificuldades em medir todos os valores das características fenotípicas, e ineficiente, pois baseia-se em caracteres de baixa herdabilidade. Entretanto, apesar desta dificuldade, é um método muito utilizado pelos programas de melhoramento de cana-de-açúcar nas fases iniciais do melhoramento (COX, 1996; BRESSIANI, 2001; ALMEIDA, 2010).

Segundo BOROJEVIC (1990), o efeito da seleção massal depende dos seguintes fatores:

1. Ação gênica para uma característica desejada: neste caso, se o efeito for aditivo o sucesso da seleção será maior do que se for dominante, pois se trata de um efeito herdável que passa de geração para geração. Este fator não se aplica à cana-de-açúcar, já que existe clonagem envolvida.
2. Herdabilidade: quando alta, o fenótipo de um indivíduo se mostra um preditor de seu valor de melhoramento (*breeding value*).
3. Interação genótipo x ambiente: quando este tipo de interação é alta, o que acontece com caracteres de baixa herdabilidade, existem maiores dificuldades para identificação dos genótipos superiores.

4. Tamanho da amostra: este é um outro fator de grande importância na seleção massal, principalmente para plantas de polinização aberta as quais devem ser amostradas em larga escala para evitar a depressão por endogamia.

De acordo com FALCONER and MACKAY (1996), o progresso esperado com a seleção massal (RS_m), será:

$$RS_m = i\sigma_F h_i^2$$

em que i corresponde ao diferencial de seleção estandardizado; σ_F é o desvio-padrão fenotípico; e h_i^2 é a estimativa da herdabilidade baseada em plantas individuais.

No melhoramento é comum avaliar diversas características simultaneamente, neste caso, toda vez que a seleção for realizada, baseando-se em um determinado caráter: (i) pode-se avaliar a resposta correlacionada em um outro caráter, (ii) tem-se o processo da seleção indireta (BRESSIANI, 2001). Nos critérios para a avaliação visual, os selecionadores geralmente procuram inicialmente alta produção (TCH); em seguida, colocam restrições para diversos caracteres, como teor de sólidos solúveis (Brix), altura e diâmetro dos colmos, perfilhamento, doença, florescimento, isoporização, rachadura, ocamento, tipo e tamanho da gema, hábito de touceira, tipo de folha, entre outros. Neste cenário, a resposta correlacionada (RC_m) à seleção é (FALCONER and MACKAY, 1996):

$$RC_m = ih_X h_Y r_G \sigma_{FY}$$

em que X representa o critério utilizado na avaliação visual e Y é o caráter principal; h_X é a raiz quadrada da herdabilidade de X baseada em plantas individuais; h_Y é a raiz quadrada da herdabilidade de Y também com base em plantas individuais; r_G é a correlação genética entre X e Y; e σ_{FY} mede o desvio-padrão fenotípico do caráter Y.

Segundo FALCONER and MACKAY (1996), o termo $h_X h_Y r_G$, denominado de co-herdabilidade, é equivalente a h_i^2 na equação de resposta à seleção individual direta, apresentado anteriormente ($RS_m = i\sigma_F h_i^2$).

2.4.2 Seleção de famílias

Uma população de melhoramento de cana-de-açúcar é formada por milhões de indivíduos, sendo que há uma estrutura de família formada por irmãos-completos, meios-irmãos e indivíduos não aparentados. A estratégia de realizar a seleção de famílias consiste em selecionar todo o conjunto de indivíduos, respeitando essa estrutura, ou rejeitá-las como um todo, de acordo com o valor fenotípico médio da família. Os valores individuais, portanto, não são aproveitados, exceto na medida em que ele determine a média da família. Em outras palavras, aos desvios que ocorrem dentro da família são atribuídos peso zero (FALCONER and MACKAY, 1996).

A seleção de famílias pode ser adotada quando o caráter a ser selecionado apresentar baixa herdabilidade, o que ocorre para muitos caracteres. A eficiência deste método baseia-se no fato de que a média fenotípica da família aproxima-se do valor genotípico médio; as vantagens obtidas serão maiores quando os desvios ambientais constituírem uma grande parte da variância fenotípica, ou, em outras palavras, quando a herdabilidade for baixa. Por outro lado, a variação ambiental comum 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 na família. Quanto maior for o seu tamanho maior será a correspondência entre o valor fenotípico médio e o valor genotípico médio. Dessa forma, as condições que irão favorecer a seleção de famílias em relação a seleção massal são: baixa herdabilidade, pequenas variações atribuídas ao ambiente comum, famílias grandes e alta variabilidade genética entre elas (FALCONER and MACKAY, 1996).

Assim, espera-se que a seleção de família para a maioria dos caracteres (toneladas de cana por hectare, Brix, número de colmos, comprimento do colmo, entre outros) seja eficiente, quando comparada à seleção individual.

Segundo SHANTHI *ET AL.* (2011), 75 a 80% da variação fenotípica entre as famílias deve-se ao valor genotípico. Por outro lado, na seleção individual, por volta de 80% da variação é devida aos efeitos ambientais, correspondendo a apenas 16 a 20% do valor genotípico. Portanto, em fases iniciais (*seedlings*) do melhoramento da cana-de-açúcar, onde a seleção baseia-se em caracteres de baixa herdabilidade, a seleção massal não apresenta eficiência satisfatória.

Estudos realizados por SINGH (1981); KIMBENG and COX (2003) mostraram que a adoção da seleção de família proporciona benefícios ao programa de melhoramento da cana-de-açúcar, pois fornece informações importantes para determinar o valor genotípico dos genótipos e auxilia na identificação de clones potenciais para serem utilizados em novos cruzamentos.

Por estas razões, a seleção de famílias é amplamente praticada em diversos países como Austrália (JACKSON *ET AL.*, 1995a; KIMBENG and COX, 2003; COX *ET AL.*, 1996; STRINGER *ET AL.*, 2011), Brasil (BARBOSA *ET AL.*, 2004; RESENDE and BARBOSA, 2006; PEDROZO, 2006), Estados Unidos (MILLIGAN and LEGENDRE, 1990; TAI *ET AL.*, 2003; ZHOU *ET AL.*, 2013), Índia (SHANTHI *ET AL.*, 2008), entre outros.

O progresso esperado com a seleção por família (RS_f), será:

$$RS_f = ds h_m^2$$

em que ds é o diferencial de seleção da(s) família(s) selecionada(s) em relação à média geral; h_m^2 corresponde à estimativa da herdabilidade em nível de médias.

Em cana-de-açúcar, COX and HOGARTH (1993b), mostraram que o método de seleção mais eficiente é aquele baseado na performance das famílias, no estágio de cana-planta, seguido da seleção dentro das melhores famílias no estágio de cana-soca. Neste caso, o critério de seleção, primeiramente, seria de acordo com o valor fenotípico médio das famílias, seguido da seleção dentro, a qual consiste no desvio de cada indivíduo em relação ao valor médio da família à qual pertence (FALCONER and MACKAY, 1996).

De acordo com FALCONER and MACKAY (1996), a resposta esperada para a seleção entre e dentro de famílias é:

$$RS_s = RS_f + RS_d$$

em que RS_f corresponde à resposta à seleção entre famílias, já definida anteriormente, e RS_d corresponde à resposta à seleção dentro de famílias, obtida da seguinte forma:

$$RS_d = i\sigma_w h_w^2$$

em que σ_w é o desvio-padrão fenotípico dentro de famílias e h^2 é a herdabilidade associada aos desvios.

Considerando a seleção dentro das famílias realizada de forma visual, tem-se a resposta correlacionada à seleção (RC), como apresentado para a seleção massal. Dessa forma a resposta total à seleção é dada por:

$$RC_{d(Y)} = ih_{w(X)}h_{w(Y)}r_{Gw}\sigma_{w(Y)}$$

em que X representa o critério de avaliação visual e Y é o caráter principal; $h_{w(X)}$ corresponde à raiz quadrada da herdabilidade dentro de famílias para X; $h_{w(Y)}$ corresponde à raiz quadrada da herdabilidade dentro de famílias para Y; r_{Gw} é a correlação genética dentro de famílias entre X e Y; e $\sigma_{w(Y)}$ mede o desvio-padrão fenotípico dentro das famílias para o caráter Y.

COX and HOGARTH (1993b) e COX *ET AL.* (1996) estudaram a seleção entre e dentro de família em dois experimentos conduzidos na estação experimental de Bundaberg, na Austrália. Foram obtidos ganhos de 3,4% e 5,3% na seleção individual e ganhos de 9,7% e 12,9% na seleção entre e dentro de família. Portanto, a seleção entre e dentro foi cerca de 2,5 vezes superior à seleção individual.

Segundo BARBOSA *ET AL.* (2004), outra vantagem dos experimentos de seleção de famílias é que, além de proporcionarem estimativas do valor genotípico para a seleção das melhores famílias, também permitem que as estimativas dos efeitos genéticos aditivos dos parentais envolvidos nos cruzamentos sejam obtidas.

Dentre os métodos de seleção entre e dentro de famílias podem-se citar a seleção sequencial, seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$), seleção via BLUP individual ($BLUP_i$) e BLUP individual simulada ($BLUP_{is}$); métodos que serão abordados a seguir.

2.4.3 Seleção sequencial

Segundo BRESSIANI (2001), em cana-de-açúcar, a seleção sequencial consiste em envolver basicamente uma seleção entre as famílias, sendo cada família selecionada representada na unidade de recombinação pelas suas melhores plantas. Posteriormente, pratica-se a seleção dos melhores indivíduos dentro destas famílias previamente selecionadas.

O esquema tradicional para a seleção sequencial mantém para todas as famílias selecionadas a mesma taxa para a seleção dos indivíduos dentro. Na Figura 2.1, para uma taxa de seleção final de 0,15 tem-se, por exemplo, uma taxa entre de 0,40 e uma taxa dentro fixa de 0,375. Nesta condição, nenhuma planta é selecionada no interior das famílias não selecionadas e dentro das famílias selecionadas as de médias extremas (a de maior e a de menor média na seleção) têm o mesmo número de indivíduos selecionados (BRESSIANI, 2001).

Há grande facilidade de aplicação deste método em cana-de-açúcar. Por se tratar de uma espécie semipereene, a cana planta pode ser utilizada na avaliação das famílias e a cana soca pode ser mantida para seleção massal dentro daquelas que foram as melhores (BRESSIANI, 2001).

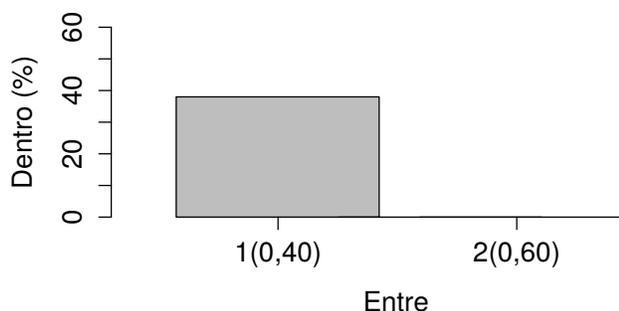


Figura 2.1. Esquema de seleção sequencial conforme modelo original. No eixo Y tem-se a taxa de seleção entre plantas e no eixo X o agrupamento das famílias com o valor médio do caráter classificado de forma decrescente. Entre parênteses tem-se a frequência de famílias em cada grupo. A taxa de seleção final foi de 0,15 (BRESSIANI, 2001).

2.4.4 Seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$)

A seleção sequencial australiana é um método de seleção utilizado há mais de 20 anos pelo programa de melhoramento da *Sugar Research Australia (SRA)* (STRINGER *ET AL.*, 2011). Anualmente, aproximadamente 300 famílias de irmãos completos são plantados em cada um dos quatro programas de seleção regional da Austrália.

Basicamente, a seleção sequencial australiana é uma combinação da seleção entre e dentro de famílias, onde a seleção das melhores famílias ("entre") é realizada no estágio de cana-planta, avaliando a performance de

cada família em produzir toneladas de cana, açúcar e fibras. Em seguida a seleção é concentrada nas famílias que apresentaram melhores performances ("dentro").

Utilizando medidas de percentis, somente as famílias acima do percentil P_{60} são consideradas para seleção no estágio de cana-soca, enquanto que as famílias com piores desempenhos (abaixo de P_{60}) são descartadas como unidades. Além disso, o número de indivíduos a serem selecionados acima do P_{60} (melhores famílias) dependerá da sua performance em cana-planta. Por exemplo, 32 de um total de 80 indivíduos podem ser selecionados acima do P_{90} (ou seja, 40% dos indivíduos por família), 24 entre P_{80} e P_{90} , 16 entre P_{70} e P_{80} , e 8 entre P_{60} e P_{70} (Tabela 2.1). Isto significa que as melhores famílias são selecionadas com intensidades de seleção mais altas (STRINGER ET AL., 2011).

Segundo STRINGER ET AL. (2011), existem diversas evidências que mostram que a seleção de famílias seguida da seleção dentro é mais eficaz (maiores ganhos genéticos) e mais eficiente do que a seleção individual. Além das predições de valor genético das famílias, com esta metodologia de seleção torna-se possível estimar o valor de melhoramento (*breeding value*) dos genitores, que podem ser usados nos programas de melhoramento.

Tabela 2.1. Exemplo de esquema de seleção sequencial australiana empregado pela SRA (KIMBENG and COX, 2003; STRINGER ET AL., 2011).

Melhores famílias	Número de famílias	Nº <i>seedlings</i> / famílias	Intensidade de seleção	Nº de clones/ família	Nº total de clones
Acima P_{90}	25	80	40%	32	800
Entre P_{80} e P_{90}	25	80	30%	24	600
Entre P_{70} e P_{80}	25	80	20%	16	400
Entre P_{60} e P_{70}	25	80	10%	8	200
Abaixo de P_{60}	150	80	0%	0	0
Total	250	-	-	-	2000

2.4.5 Seleção via blup individual ($BLUP_i$) e blup individual simulado ($BLUP_{is}$)

Segundo RESENDE and BARBOSA (2006), em cana-de-açúcar, a estratégia ótima de seleção de indivíduos nas fases iniciais do melhoramento seria por meio dos valores genotípicos preditos pelo BLUP individual ($BLUP_i$), que contempla simultaneamente as informações de família e de indivíduo para seleção. No entanto, esse método não tem sido utilizado em cana-de-açúcar devido às suas dificuldades práticas em se obter dados de plantas individuais. Buscando contornar esta adversidade RESENDE and BARBOSA (2006) propuseram uma nova estratégia de seleção para as fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar, com base na metodologia "BLUP individual simulado ($BLUP_{is}$)", que promove a dinâmica alocação dos indivíduos a serem selecionados em cada família de irmãos-completos, utilizando BLUP como base para os efeitos genotípicos e efeitos de parcela para a referida família. Em outras palavras, a metodologia $BLUP_{is}$ determina o número de indivíduos a serem selecionados por família, o número total de clones a serem avançados para a próxima geração, e o número de famílias para contribuir com os indivíduos selecionados. Além disso, $BLUP_{is}$ permite a identificação de qual repetição os melhores indivíduos estão presentes. Para isto, os dados são obtidos em nível de família, por meio da colheita e pesagem total das parcelas, sendo, portanto, operacionalmente mais fácil do que em nível de indivíduo. Basicamente, a forma de coleta de dados no procedimento $BLUP_{is}$ é similar ao que é realizado na seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$).

2.4.6 Escolha do método de seleção

A escolha do melhor método de seleção é dependente de diversas variáveis, tais como a herdabilidade do caráter sob seleção, os recursos disponíveis no programa de melhoramento e a própria habilidade dos melhoristas

(RAMALHO *ET AL.*, 2012). Em princípio, todo método, se bem utilizado, é eficiente (RAMALHO *ET AL.*, 2012).

Antes da adoção de qualquer método, deve-se, primeiramente, realizar estudos comparativos entre eles. As comparações dos métodos podem ser realizadas utilizando alguns procedimentos. O primeiro é pela comparação dos resultados obtidos por diversos pesquisadores, utilizando-se de vários métodos de condução. Esse é um procedimento de difícil aplicação. Isso, porque as informações disponíveis na literatura nem sempre são comparáveis, pois ocorre variação da população utilizada, na metodologia de avaliação das progênies, tais como número de repetições, de progênies avaliadas e na intensidade de seleção aplicada. O segundo procedimento seria a utilização de métodos de genética quantitativa, que tem fornecido as bases teóricas não só para a comparação dos vários métodos, mas também nos diferentes modos pelos quais a eficiência pode ser aumentada. E o terceiro seria a aplicação simultânea de vários métodos de condução de populações segregantes, numa mesma população, em igualdade de condições, ou seja, utilizando dados experimentais. Baseando-se nesses fatores, a escolha do melhor método de seleção pelo melhorista pode ser adotada com maior chance de sucesso (RAMALHO *ET AL.*, 2012).

2.5 Seleção em etapas posteriores

Os genótipos selecionados nas fases iniciais podem então ser plantados seguindo delineamento estatístico apropriado. O número de indivíduos clonados é reduzido, porém ainda em grande número; as parcelas são pequenas (por exemplo, uma linha com 5 m de comprimento) em apenas uma repetição e local. Um delineamento adequado a esta situação foi desenvolvido por FEDERER (1956), denominado de blocos aumentados. Além desse, o delineamento de blocos incompletos também pode ser útil, visto que este é adequado para experimentos com grande número de tratamentos. Nesse delineamento o número de parcelas por bloco é fixo, sendo menor que o número de tratamentos. Dessa forma, com a utilização de blocos menores, há uma redução da heterogeneidade ambiental dentro de blocos. Diferentes tipos de delineamento de blocos incompletos podem ser citados, como: Látices (YATES, 1936) e Alfa-Látices (PATTERSON and WILLIAMS, 1976). Segundo STRINGER (2006), experimentos de fases iniciais estão sujeitos a variações decorrentes da variabilidade espacial e devido a competição entre parcelas, que podem comprometer seriamente as estimativas dos genótipos e, portanto, reduzir o progresso genético. Uma alternativa é a utilização de métodos analíticos em que uma parcela é ajustada para a variabilidade espacial usando informações de vizinhos mais próximos. Este método de análise, comumente conhecido como análise espacial, vem sendo utilizado com sucesso e de forma rotineira em programas de melhoramento de cereais na Austrália (GILMOUR *ET AL.*, 1997).

Nestas etapas, além dos caracteres da fase anterior, os componentes de produção em cana-planta e soca são considerados. Em virtude de baixa precisão experimental e dos baixos valores de herdabilidade, a seleção não deve ser muito intensa.

Nas próximas etapas, a precisão experimental deve ser aumentada, graças à disponibilidade de se empregar maior número de repetições e locais de avaliação. Tipicamente, emprega-se o delineamento blocos ao acaso, com arranjo em parcelas subdivididas no tempo (diferentes cortes). Estudos de estabilidade e adaptabilidade também devem ser feitos, facilitando as recomendações de cultivares.

Finalmente, quando a precisão experimental permitir razoável segurança nas recomendações, após avaliações de pelo menos quatro cortes em diferentes anos e ambientes de cultivo, as cultivares podem ser liberadas comercialmente (MATSUOKA *ET AL.*, 1999a).

2.6 Parâmetros genéticos

2.6.1 Componentes de variância

Quando uma característica quantitativa de um determinado fenótipo é avaliada, o valor obtido representa o valor fenotípico do indivíduo. Este valor é composto pelo valor genotípico do indivíduo e qualquer desvio causado pela ação de fatores ambientais, o qual pode ser representado, de acordo com FISHER (1918):

$$F = G + E$$

em que F é o valor fenotípico observado, G é o componente genético, e E é o componente ambiental.

Portanto, o valor fenotípico inclui componentes que podem ser determinados em análises de variância. A variância fenotípica também pode ser decomposta em variância genotípica, variância ambiental e sua interação (FALCONER and MACKAY, 1996):

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{GE}^2$$

em que σ_F^2 é a variância fenotípica, σ_G^2 é a variância genotípica, e σ_E^2 é a variância ambiental.

A variância genotípica (σ_G^2), por sua vez, consiste na variação resultante dos efeitos de genes aditivos (σ_A^2), da variação resultante da ação gênica dominantes (σ_D^2), e da variação resultante das interações epistáticas (σ_I^2):

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2$$

A variância genética aditiva (σ_A^2) é um componente de grande importância, pois é a principal causa da semelhança entre parentes e, portanto, o principal determinante das propriedades genéticas observáveis da população e da resposta da população à seleção. Além disso, é o único componente que pode ser prontamente estimado a partir das observações feitas em uma população. Segundo HOGARTH (1987), em cana-de-açúcar, a variância genética aditiva é mais importante que a não aditiva para a maioria dos caracteres de importância econômica, entre os quais o teor de sacarose, de fibras e a resistência às doenças. A principal exceção é para a produção, em que as variâncias genéticas aditiva e não aditiva parecem estar em igual grau de importância.

Na variância genética de dominância (σ_D^2) a variância é associada com a ação do gene dominante. Se a variação se expressa numa escala quantitativa, pode haver dominância completa (heterozigótico tem o fenótipo igual a um dos homozigóticos), dominância incompleta (heterozigótico tem um fenótipo distinto de qualquer dos homozigóticos) ou sobredominância (fenótipo do heterozigótico é distinto e superior, ou inferior, ao de qualquer dos homozigóticos) (FALCONER and MACKAY, 1996).

A epistasia (σ_I^2) se refere à interação entre os alelos de locos diferentes que resultam em valores fenotípicos não preditos pela soma de efeitos individuais dos locos, ou seja, trata-se de uma forma da ação que não é explicada por um modelo aditivo-dominante (BARONA, 2007).

Consequentemente, a variância fenotípica (σ_F^2) pode ser escrita como:

$$\sigma_F^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{GE}^2$$

2.6.2 Herdabilidade

Um dos parâmetros genéticos de maior importância para o melhoramento genético é a herdabilidade (h^2), pois indica a proporção da variância fenotípica que é explicada pelos componentes genéticos. Portanto, ela estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico. Por essa razão, h^2 é o componente das expressões relacionados à predição de ganho dos diferentes métodos de melhoramento e, como consequência, das decisões que os melhoristas tomam na condução dos seus programas de seleção (RAMALHO ET AL., 2012).

Com base nos componentes de variância, dois tipos de herdabilidade podem ser estimados, os quais dependem do sistema reprodutivo das espécies sob melhoramento. Em culturas de propagação vegetativa, que é o caso da cana-de-açúcar, há a possibilidade de clonar os melhores indivíduos, portanto, é possível perpetuar integralmente cada genótipo de uma geração para a outra. Nesse caso, considera-se que todos os componentes genéticos são aproveitados ($\sigma_A^2, \sigma_D^2, \sigma_I^2$), tendo-se a chamada herdabilidade no sentido amplo, representada por:

$$h_{(Ampla)}^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2} \quad (2.1)$$

em que $h_{(Ampla)}^2$ é a herdabilidade no sentido amplo, σ_G^2 a variância dos efeitos genéticos, sendo $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2$.

O outro tipo de herdabilidade que pode ser estimado é a herdabilidade no sentido restrito, representada por:

$$h_{(Restrito)}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_E^2}$$

em que $h_{(Restrito)}^2$ é a herdabilidade no sentido restrito, σ_A^2 a variância dos efeitos genéticos aditivos, e os demais como descritos anteriormente. Neste caso, o interesse está nos efeitos genéticos que são transferidos ao longo de gerações, via reprodução sexual (sem clonagem). Assim, os ganhos genéticos estão relacionados aos efeitos genéticos aditivos, representados pela σ_A^2 , que é uma parte da σ_G^2 ($\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$). Para a cana-de-açúcar a σ_A^2 é fundamental para nortear os cruzamentos e a seleção, uma vez que é o componente que permite a conexão entre gerações, ou seja, quando há cruzamentos.

Muitas das características quantitativas, que constituem um dos principais objetivos do melhoramento, são complexas com variação em dezenas ou centenas de genes (CROSBIE, T.M. EATHINGTON, S.R. JOHNSON *ET AL.*, 2006). De forma geral, os geneticistas têm se dedicado ao estudo de caracteres quantitativos de grande importância (HOGARTH, 1987) principalmente quando o objetivo é o entendimento do tipo de herança envolvido.

Segundo MORAIS *ET AL.* (2015), dentre os principais caracteres quantitativos em cana-de-açúcar, pode-se citar a produtividade (TCH) e a resistência às doenças. Estes caracteres, controlados por muitos genes, sofrem forte influência ambiental e, normalmente, apresentam média a baixa herdabilidade. Portanto, o entendimento da teoria da genética quantitativa e a análise de dados experimentais fornece as bases para o desenvolvimento de estratégias de seleção (SKINNER *ET AL.*, 1987).

Estimativas de herdabilidade, no sentido amplo, em cana-de-açúcar, baseado em plantas individuais e em famílias, foram obtidas por SKINNER *ET AL.* (1987); BRESSIANI (2001) e são apresentadas na Tabela 2.2. Observa-se que as estimativas com base em plantas individuais apresentam valores baixos para a maioria dos caracteres, exceto para a resistência à ferrugem, ao carvão e para Brix. Com isso, pode-se considerar, para as etapas iniciais, que a seleção com base em plantas individuais (massal) deveria basear-se apenas nos caracteres com alta herdabilidade, como é o caso de Brix e da resistência ao carvão e à ferrugem. Entretanto, a seleção para caracteres de baixa herdabilidade pode ser mais efetiva se for realizada com base em famílias, as quais apresentam valores relativamente mais elevados para a maioria dos caracteres.

Tabela 2.2. Herdabilidade no sentido amplo baseado em plantas individuais e em famílias (entre parênteses), SKINNER ET AL. (1987); BRESSIANI (2001).

Caráter	País				
	Austrália	Havai	Fiji	Argentina	Brasil
Toneladas de cana por hectare	0,17 (0,75)		(0,48)	0,10	0,50 (0,78)
Toneladas de Brix por hectare	0,16 (0,76)				0,53 (0,80)
Brix	0,65 (0,90)	0,27 (0,53)	(0,43)		0,92 (0,81)
Número de colmos	0,26(0,90)	0,13 (0,51)	(0,53)	0,06	0,64 (0,83)
Diâmetro do colmo		0,30 (0,71)	(0,70)	0,44	0,63 (0,84)
Comprimento do colmo	0,32 (0,84)	0,21 (0,40)	(0,54)	0,24	0,83 (0,85)
Volume		0,10 (0,39)			
Ferrugem	0,51 (0,93)				
Carvão		0,56 (0,84)			

2.7 Modelos mistos aplicados ao melhoramento da Cana-de-açúcar

Um modelo estatístico tem como função explicar as observações de uma variável dependente em função de outras possíveis causas de variação (chamadas variáveis independentes). Tais variáveis podem ser classificadas como sendo de efeitos fixos ou aleatórios. Quando a um determinado fator é atribuído um conjunto finito de tratamentos ou níveis, tal fator é considerado de efeito fixo (SEARLE ET AL., 1992). Nesse caso, as conclusões são restritas aos tratamentos estudados. Por outro lado, quando um fator representa uma amostra oriunda de uma população, tal fator é considerado como tendo efeito aleatório. Nesse caso as inferências obtidas com os tratamentos podem ser extrapoladas para a população. Com base na natureza fixa ou aleatória dos efeitos contidos em um modelo estatístico, este pode ser classificado como fixo (apenas há fatores com efeito fixo), aleatório (apenas há fatores com efeitos aleatórios), ou misto (há fatores de ambos os tipos presentes no modelo).

Segundo PASTINA (2010), os modelos lineares fixos são, em geral, muito restritivos para executar análise de dados satisfatórios para a estrutura típica dos dados da maioria dos programas de melhoramento devido à suposição de independência. Na verdade, a estrutura de erro em experimentos de melhoramento é muito mais complexa do que aquela considerada para a análise de dados convencional (BALZARINI, 2001). Em contraste, modelos lineares mistos podem levar em conta covariâncias entre as observações (SMITH ET AL., 2005).

De forma geral, conforme BALZARINI (2001), um modelo linear misto é representado como:

$$y = X\beta + Zu + e$$

em que y é o vetor correspondente às observações dos indivíduos, X e Z são matrizes de incidência observáveis de efeitos fixos e aleatórios, respectivamente, β é o vetor não observável dos efeitos fixos, u é o vetor não observável dos efeitos aleatórios, e e é o vetor não observável dos efeitos aleatórios residuais.

Considerando os efeitos genéticos (G) como aleatórios, é possível prever um valor genético para cada indivíduo, o qual é obtido após encontrar a estrutura de variâncias-covariâncias (VCOV) mais verossímil à luz das observações. Assim, antes da obtenção dos BLUP's, diferentes estruturas de VCOV são testadas para a matriz G (que constituem a matriz de variação fenotípica $V = ZGZ' + R$), de modo a verificar a estrutura mais provável.

Vários modelos possíveis para as estruturas de VCOV de G (efeito genético) e R (efeito residual) são encontrados (adaptado de PASTINA (2010)), como: i) independente (ID); ii) diagonal (DIAG); iii) simetria composta (SC); iv) simetria composta heterogênea (SC_{Het}); v) auto-regressivo de primeira ordem (AR1); vi) auto-regressivo de primeira ordem heterogêneo ($AR1_{Het}$); vii) fator analítico de primeira ordem (FA1); e viii) não-estruturado (NE). Apesar das

peculiaridades de cada uma, todas elas, exceto a primeira, consideram heterogeneidade de variâncias e/ou presença de covariâncias/correlações, o que pode ser decisivo para o cálculo fidedigno dos BLUP's, bem como para seleção.

Uma abordagem interessante introduzida por SMITH *ET AL.* (2007) em cana-de-açúcar é que em casos mais complexos, como aquele utilizado para avaliar genótipos ao longo de vários locais e anos, uma alternativa seria subdividir a matriz (G) em duas submatrizes, sendo uma para local ($G_L^{M \times M}$) e outra para corte ($G_C^{N \times N}$). A ideia surgiu com o objetivo de reduzir a quantidade de parâmetros e testar estruturas de VCOV específicas para local e corte; quando combinadas (via produto de Kronecker), estas estruturas representam a matriz G, da seguinte forma:

$$G = G_L^{M \times M} \otimes G_C^{N \times N}$$

Neste contexto, a seleção da melhor estrutura VCOV pode ser inferida considerando como critério para seleção de modelo o critério de informação de Akaike (AIC)(AKAIKE, 1974) e/ou o critério de informação Bayesiana (BIC)(SCHWARZ, 1978). Suas expressões são apresentadas a seguir.

$$AIC = -2\log(L) + 2n_{IC} \quad (2.2)$$

$$BIC = -2\log(L) + \log(N) \times n_{IC} \quad (2.3)$$

em que $\log(L)$ é o logaritmo da verossimilhança residual, N é o número total de observações (indivíduos), e n_{IC} é o número de parâmetros da matriz de variâncias-covariâncias. As estruturas de VCOV mais prováveis à luz das observações apresentam o menor valor de AIC e BIC.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

3.1.1 População base

A população utilizada neste estudo foi amostrada dentre 92 cruzamentos de irmãos-completos (Tabela A.1), realizados no ano de 2011, na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro, município de Murici-AL. A estação situa-se à latitude 9° 13' S, longitude 35° 50' W e a 450-500 m de altitude e tem suas atividades coordenadas pela Universidade Federal de Alagoas, sendo uma das dez universidades pertencentes à Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA). No total, foram amostrados 7.360 indivíduos para a condução dos experimentos. Esta etapa foi realizada na Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), campus de Araras, SP.

3.1.2 Implantação, avaliação e análise experimental

Dois experimentos referentes à primeira (Experimento - Primeira etapa) e à segunda (Experimento - Segunda etapa) fases de seleção do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da RIDESA/UFSCar foram instalados para o estudo comparativo das diferentes estratégias de seleção. Na primeira etapa, identificou-se o método de seleção entre e dentro de família com maior potencial a ser aplicado na população base do experimento, e juntamente com os métodos massal e aleatório, praticou-se a seleção. Na segunda etapa, o valor genotípico dos indivíduos foram preditos e então identificou-se o método que maior contribui com clones de alto potencial genético.

3.1.3 Experimento – Primeira etapa

O delineamento estatístico, para a avaliação das diferentes estratégias de seleção e predição dos valores genotípicos das 92 famílias (Tabela A.1), foi em blocos casualizados, com quatro repetições, sendo a unidade experimental constituída por dois sulcos com 5 m de comprimento, espaçados a 1,4 m entre linhas, com dez plântulas por sulco (espaçadas a 0,5 m), perfazendo uma área total da parcela de 14 m². No total, considerando as quatro repetições, cada família foi representada por 80 plântulas (*seedlings*), de acordo com metodologia proposta por STRINGER *ET AL.* (2011).

O experimento foi instalado em março/2012 na área experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar, nas dependências do Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFSCar, no município de Araras, SP. As coordenadas geográficas do município são latitude 22° 21' 25" S e longitude 47° 23' 03" W. O clima, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Cwa mesotérmico, com verões quentes e úmidos e invernos secos, com precipitação anual média de 1300 mm e temperatura média anual de 21,1°C. Segundo PERES *ET AL.* (2010), o solo predominante na estação do CCA é classificado como Latossolo Vermelho-Escuro, distrófico, A moderado, de textura argilosa.

A seleção, de acordo com os métodos propostos, foi realizada em março/2014, no segundo ano após o plantio (estágio de cana-soca). A adubação e tratos culturais foram realizados de acordo com aqueles recomendados para a cultura da cana-de-açúcar.

3.2 Métodos

3.2.1 Seleção individual ou massal

Buscando evitar uma seleção induzida dentro das famílias com maiores valores genotípicos, a seleção massal foi a primeira a ser praticada pela equipe do melhoramento da RIDESA/UFSCar, seguindo os mesmos critérios

adotados de forma rotineira nas etapas de seleção em fases iniciais. Os clones foram selecionados com base na performance fenotípica, seguido da medição do teor de sólidos solúveis (Brix) dos materiais selecionados, com o auxílio de um refratômetro portátil.

3.2.2 Seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$)

A avaliação da performance de cada família, para os caracteres toneladas de cana por hectare (TCH), teores de sacarose (Pol) e porcentagem de fibras, foi realizada durante os meses de maio e abril de 2013, no estágio de cana-planta. O caráter TCH foi estimado através da pesagem total de cada parcela (família), obtido através do corte manual e pesagem com o auxílio de uma carregadeira e um dinamômetro digital. Com isso obteve-se a estimativa de TCH, através da seguinte equação:

$$TCH = \frac{(PP \times 10)}{TP} \quad (3.1)$$

em que PP é o peso total da parcela e TP é o tamanho da parcela em m^2 , neste caso igual a $14 m^2$.

Para a avaliação dos caracteres tecnológicos foram amostrados, dentro de cada família (parcela), um colmo por plântula (*seedling*), somando um total de 20 colmos/parcela ou 80 colmos/família considerando as quatro repetições, isto é, para aquelas famílias com 100% de *seedlings* viáveis. Todas as amostras foram pesadas e, posteriormente, analisadas pelo Laboratório de Análises e Simulações Tecnológicas (LAST/UFSCar). O caráter principal utilizado para predição dos valores genotípicos das famílias foi toneladas de Pol por hectare, obtido pela seguinte equação:

$$TPH = \frac{(TCH \times Pol\%cana)}{100}$$

Para proceder a seleção de família, os dados do primeiro ano foram utilizados para a avaliação e ranqueamento das famílias, por meio da predição dos seus respectivos valores genotípicos. Para isso, o seguinte modelo estatístico foi utilizado:

$$y_{ijk} = \mu + F_i + b_j + \beta d_{ijk} + \varepsilon_{ijk}$$

em que, y_{ijk} é a unidade de observação; μ é a média geral; F_i é o efeito aleatório da i -ésima família; b_j é o efeito do j -ésimo bloco; βd_{ijk} é o efeito da covariável dia de coleta dos dados na i -ésima família, no j -ésimo bloco e no k -ésimo *seedling*; e ε_{ijk} é o erro.

Realizou-se a comparação de diferentes estruturas de variância-covariância para a matriz de efeito residual (R). Para tanto, assumiu-se $\varepsilon_{ij} \sim N(0, R)$. Os diferentes modelos foram analisados e o melhor modelo foi selecionado com base nos critérios de AIC e BIC (equação 2.2 e 2.3, respectivamente). Após esta etapa, foram obtidas as médias ajustadas para cada uma das famílias. Para a realização das análises estatísticas envolvendo modelos mistos utilizou-se o software GenStat (PAYNE ET AL., 2011).

Com base nas predições, as famílias foram ordenadas de acordo com seus valores genotípicos e, então, em estágio de cana-soca, todas as famílias foram divididas em 5 grupos. Utilizando medidas de percentis, os grupos foram divididos da seguinte forma: Percentil acima de P_{90} , entre P_{80} e P_{90} , entre P_{70} e P_{80} , entre P_{60} e P_{70} e abaixo de P_{60} , em que apenas foram selecionados, por meio do método massal, clones nas 4 primeiras categorias, com intensidades variáveis de 40, 30, 20 e 10%, respectivamente. Para percentil abaixo de P_{60} a seleção não foi realizada (Tabela 3.1). Este procedimento, denominado de BLUP-sequencial ($BLUP_{seq}$), permite que as melhores famílias sejam selecionadas com maiores intensidades (STRINGER ET AL., 2011). A seleção massal, dentro das melhores famílias, também foi praticada pela equipe do melhoramento da RIDESA/UFSCar, seguindo os mesmos critérios adotados de forma rotineira nas etapas de seleção em fases iniciais.

Tabela 3.1. Intensidades de seleção diferenciada de acordo com o potencial das famílias para o caráter TPH.

Melhores famílias	Número de famílias	Nº <i>seedlings</i> / famílias	Intensidade de seleção	Nº de clones/ família	Nº total de clones
Acima P_{90}	9	80	40%	32	288
Entre P_{80} e P_{90}	9	80	30%	24	216
Entre P_{70} e P_{80}	9	80	20%	16	144
Entre P_{60} e P_{70}	9	80	10%	8	72
Abaixo de P_{60}	56	80	0%	0	0
Total	92	-	-	-	720

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de famílias foram obtidas por meio da seguinte equação:

$$h_{a(mf)}^2 = \frac{\sigma_{Gef}^2}{\sigma_{Gef}^2 + \left(\frac{\sigma_e^2}{R}\right)} \quad (3.2)$$

em que $h_{a(mf)}^2$ é a herdabilidade no sentido amplo em nível de média de famílias, σ_{Gef}^2 a variância dos efeitos genéticos entre famílias, σ_e^2 variância dos efeitos residuais, e R o número de repetições das famílias.

A acurácia seletiva (AC_s) entre famílias foi obtida por meio da seguinte equação:

$$AC_s = \sqrt{h_{a(mf)}^2} \quad (3.3)$$

em que AC_s é a acurácia seletiva entre famílias, e $h_{a(mf)}^2$ é a herdabilidade no sentido amplo em nível de média de famílias.

3.2.3 Seleção via blup individual ($BLUP_i$) e blup individual simulado ($BLUP_{is}$)

Diferentemente da seleção sequencial australiana, em que a performance em produzir toneladas de cana por hectare (TCH), ou toneladas de Pol por hectare (TPH), é medida em nível de família, a seleção via $BLUP_i$ tem sua performance predita a partir das informações coletadas em nível de indivíduo, dentro de todas as famílias. Para isso, os seguintes caracteres foram avaliados nos 7.360 indivíduos: i) número de colmos (NC): obtido pela contagem do número total de colmos em cada *seedling* (indivíduo); ii) diâmetro do colmo (DC): obtido pela medição do terço médio de um colmo por indivíduo, escolhido de forma aleatória, com auxílio de um paquímetro digital com precisão de 1mm; iii) altura do colmo (AC): medida em centímetros, em um colmo por indivíduo, escolhido de forma aleatória, do nível do solo até a inserção da primeira folha, com o auxílio de uma trena graduada; iv) teor de sólidos solúveis (Brix): obtido através da medição no terço médio de um colmo por indivíduo, escolhido de forma aleatória, com o auxílio de um refratômetro de mão; v) massa média dos colmos (MMC): estimado através da pesagem de um feixe com vinte colmos, sendo cada colmo coletado em nível de indivíduo, por parcela; vi) quilograma de Brix por indivíduo (KBI): obtido por meio da seguinte equação:

$$KBI = MMC \times Brix$$

Este, por sua vez, foi o caráter principal utilizado para predição dos valores genotípicos dos indivíduos a serem selecionados. Todos os dados foram coletados entre os meses de abril e maio de 2013, no estágio de cana-planta.

O valor genotípico de cada indivíduo foi predito com base no seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wp + \varepsilon$$

em que, y é a unidade de observação; r é o vetor de efeito de repetição, assumido como fixo; g é o vetor de efeito genotípico, assumido como aleatório; p é o vetor de efeito de parcela, assumido como aleatório; e ε é o erro. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O número médio de clones a serem selecionados pelo método $BLUP_i$ foi determinado de acordo com o número total de indivíduos selecionados pelo método de seleção massal.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo foram obtidas por meio da seguinte equação:

$$h_{a(mi)}^2 = \frac{\sigma_{Gef}^2 + \sigma_{Gdf}^2}{\sigma_{Gef}^2 + \sigma_{Gdf}^2 + \sigma_e^2}$$

em que $h_{a(mi)}^2$ é a herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo, σ_{Gef}^2 a variância dos efeitos genéticos entre famílias, σ_{Gdf}^2 a variância dos efeitos genéticos dentro de família (indivíduo) e σ_e^2 variância dos efeitos residuais.

Por ser considerado como estratégia ótima de seleção de indivíduos, este método foi utilizado como controle positivo dos demais.

Para o procedimento $BLUP_{is}$, foi utilizado o mesmo modelo genético-estatístico empregado na seleção sequencial australiana. Entretanto, neste método foi calculado o efeito genotípico relativo da melhor família, por meio da seguinte equação:

$$\hat{g}_j = Vg_{mf} - \bar{X}G$$

em que, \hat{g}_j é o efeito genotípico relativo da melhor família; Vg_{mf} é o valor genotípico da melhor família; $\bar{X}G$ é a média geral de todas as famílias. Em seguida, dividiu-se o efeito genotípico relativo da melhor família por ele mesmo (\hat{g}_j/\hat{g}_j) como forma de atribuir peso máximo, neste caso, igual a 1.

O efeito genotípico relativo ($g_{relativo}$) das demais famílias foi calculado por meio da seguinte equação:

$$g_{relativo} = \left(\frac{Vg_f - \bar{X}G}{\hat{g}_j} \right)$$

em que, $g_{relativo}$ é o efeito genotípico relativo de cada família; Vg_f é o valor genotípico de cada família; $\bar{X}G$ é a média geral de todas as famílias; e \hat{g}_j é o efeito genotípico relativo da melhor família.

Em seguida, o número total de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família foi calculado por meio da seguinte equação:

$$n_k = \left(\frac{\hat{g}_k}{\hat{g}_j} \right) \times n_j$$

em que, n_k é o número total de indivíduos a serem selecionados dentro da família k ; \hat{g}_j é o efeito genotípico da melhor família; \hat{g}_k é o efeito genotípico da k -ésima família; e n_j é o número de indivíduos a serem selecionados dentro da melhor família. Neste estudo o n_j adotado foi de 50. Segundo RESENDE and BARBOSA (2006), quando $n_j = 50$, espera-se 98% de representatividade máxima da família.

Para o cálculo do número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada repetição, a seguinte equação foi utilizada:

$$r = \frac{\mu + \hat{g}_k + \hat{g}_{plotr}}{\sum(\mu + \hat{g}_k + \hat{g}_{plotr})} \times n_k$$

em que, r é o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada repetição; μ é a média geral de cada caráter; \hat{g}_k é o efeito genotípico de cada família; \hat{g}_{plotr} é o valor genotípico da k -ésima família na repetição "x"; $\sum(\mu + \hat{g}_k + \hat{g}_{plotr})$ é o somatório do valor genotípico de todas as repetições da k -ésima família.

Assim como na metodologia $BLUP_{seq}$, o caráter principal utilizado para predição dos valores genotípicos das famílias foi toneladas de Pol por hectare (TPH). Além disso, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de famílias foram obtidas por meio da mesma equação utilizada no método $BLUP_{seq}$, equação 3.2. Ainda, para ambos os métodos ($BLUP_i$ e $BLUP_{is}$), a acurácia seletiva (AC_s) foi obtida por meio da equação 3.3.

Para a realização das análises estatísticas envolvendo modelos mistos utilizou-se o software GenStat (PAYNE ET AL., 2011).

3.2.4 Seleção aleatória

A seleção aleatória foi praticada para servir como parâmetro de comparação (controle negativo) dos demais métodos de seleção. Trata-se de uma seleção sem nenhum critério, ou seja, apenas com sorteio de clones a serem escolhidos aleatoriamente. Portanto, a média dos indivíduos selecionados não é alterada de forma significativa. Para a escolha aleatória dos clones a serem selecionados, realizou-se um sorteio de indivíduos, utilizando-se o software R (R, 2015). O número médio de clones sorteados e selecionados foi com base no número total de indivíduos selecionados pelo método massal.

Realizado o sorteio, identificaram-se os clones em campo e os mesmos foram selecionados, descartando-se apenas aqueles que por algum motivo morreram. O sorteio foi realizado considerando um número de clones maior para suprir a falta de clones sorteados apresentando este tipo de problema.

Após a aplicação de todas as metodologias de seleção, realizou-se uma análise de correlação de *Pearson* entre as variáveis estudadas, tanto dos dados fenotípicos quanto dos valores ajustados obtidos através das predições dos valores genotípicos. Calculou-se, também, o coeficiente de correlação de *Pearson* entre os métodos de seleção, com base no número de indivíduos selecionados dentro de cada família, com o objetivo de identificar o grau de correlação entre as diferentes estratégias de seleção.

3.2.5 Experimento – Segunda etapa

Todos os clones selecionados na etapa inicial, independentemente do método de seleção, foram plantados em um só experimento, denominado de Experimento - Segunda etapa, o qual, de certa forma, foi baseado nos experimentos da segunda fase de seleção do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da RIDESA/UFSCar. Nesta etapa, devido à limitação de material vegetativo de cada genótipo, o delineamento estatístico adotado foi em blocos incompletos (ou blocos aumentados (FEDERER, 1956)) sem repetição. Cada bloco constituiu-se de 40 clones e duas testemunhas, RB867515 e RB855453, sendo a primeira a cultivar comercial mais cultivada no Brasil, de maturação média-tardia, e a segunda uma das principais cultivares comerciais de maturação precoce. Em cada bloco as testemunhas foram distribuídas de forma aleatória, via sorteio. A unidade experimental foi constituída de um sulco com cinco metros de comprimento, espaçados a 1,4 m entre linhas.

O experimento foi instalado em maio/2014 e, assim como no Experimento - Primeira etapa, foi implantado na área experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar, nas dependências do Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFSCar, no município de Araras, SP. A adubação e tratos culturais foram realizados de acordo com aqueles recomendados para a cultura da cana-de-açúcar.

3.2.6 Coleta e análise dos dados

A avaliação da performance de cada clone, para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH) e teores de sólidos solúveis (Brix) foi realizada no mês de junho de 2015, no estágio de cana-planta. O caráter TCH foi estimado por meio da pesagem total de cada parcela (clone), obtido através do corte manual e pesagem com o auxílio de uma carregadeira e um dinamômetro digital. Com isso foi obtida a estimativa de TCH, por meio da equação 3.1. Porém, neste caso o tamanho da parcela considerado foi de 5 m lineares.

Para a avaliação do teor de sólidos solúveis três medições de Brix foram realizadas, de forma aleatória, dentro de cada parcela, com o auxílio de um refratômetro de mão. Posteriormente, obteve-se a estimativa de toneladas de Brix por hectare (TBH), por meio da seguinte equação:

$$TBH = TCH \times Brix$$

Para a predição dos valores genotípicos de todos os clones presentes no estudo, o seguinte modelo estatístico foi utilizado:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + t_j + \beta_k + \varepsilon_{ijk}$$

em que, y_{ijk} é a unidade de observação; μ é a média geral; g_i é o efeito aleatório do i -ésimo genótipo; t_j é o efeito fixo da j -ésima testemunha; β_k é o efeito fixo do k -ésimo bloco; e ε_{ijk} é o erro.

Realizou-se a comparação de diferentes estruturas de variância-covariância para a matriz de efeito residual (R). Para tanto, assumiu-se $\varepsilon_{ij} \sim N(0, R)$. Os diferentes modelos foram analisados e o melhor modelo foi selecionado com base nos critérios de AIC e BIC (equação 2.2 e 2.3, respectivamente). Após esta etapa, foram obtidas as médias ajustadas para cada um dos clones. Para a realização das análises estatísticas envolvendo modelos mistos utilizou-se o software GenStat (PAYNE ET AL., 2011).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo em nível de indivíduo e a acurácia seletiva foram obtidas por meio das equação 2.1 e 3.3, respectivamente.

Para a comparação dos diferentes métodos de seleção no Experimento - Segunda etapa, utilizou-se o procedimento *Bootstrap*, uma técnica de reamostragem bastante utilizada em situações estatísticas. A base da técnica é a obtenção de um "novo" conjunto de dados, por reamostragem do conjunto de dados original (EFRON and TIBSHIRANI, R, 1993). Este tipo de método de reamostragem é bastante útil, em especial, quando se deseja estimar intervalos de confiança. No presente estudo, os valores genotípicos preditos de todos os clones foram agrupados de acordo com o método de seleção que os mesmos foram provenientes, portanto, três populações foram formadas; população oriunda do método de seleção aleatória, família ($BLUP_{seq}$) e massal. Dentro de cada população, realizou-se cinco mil *bootstrap* com tamanho $n= 400$ clones, com reposição, sempre selecionando os valores de forma aleatória. Em seguida, para o cálculo da média do valor genotípico de cada população foram utilizados intervalos de confiança. Para isso, definiu-se o intervalo onde haveria 95% de probabilidade de ocorrer a média verdadeira da população total.

4 RESULTADOS

4.1 Experimento – Primeira etapa

4.1.1 Seleção individual ou massal

No método de seleção massal 433 indivíduos foram selecionados de um total de 7.360, isto é, a intensidade de seleção praticada foi de 5,9%. Considerando as 92 famílias de irmãos-completos, somente nove não tiveram indivíduos selecionados dentro das respectivas famílias. Em contrapartida, para as famílias que foram passíveis de seleção, o número de indivíduos selecionados variou de 1 (1,3%) a 16 (20%) (Tabela 4.8). Vale lembrar que os critérios adotados para implementar a seleção massal foram com base no que é aplicado de forma rotineira pela equipe do melhoramento da RIDESA/UFSCar.

4.1.2 Componentes de variância e parâmetros genéticos

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos para os indivíduos selecionados pelos métodos $BLUP_i$, $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$, considerando todas as variáveis estudadas, altura média dos colmos (Altura), diâmetro médio dos colmos (Diâm.), teor médio de sólidos solúveis (Brix), número médio de colmos (NC), peso médio (Peso), quilograma de Brix por indivíduo (KBI), teor médio de Pol(%)cana (Pol), teor médio de fibras (Fibra), toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de Brix por hectare (TBH), e toneladas de Pol por hectare (TPH), estão apresentados na Tabela 4.1.

Considerando o método de seleção via $BLUP_i$ e, de acordo com a classificação proposta por PIMENTEL-GOMES (1985), observa-se que os valores de coeficiente de variação residual (CV_e) para os caracteres NC, Peso, KBI, e TCH, foram de muito alta magnitude, evidenciando a existência de variação entre e dentro de parcelas. Por outro lado, valores de CV_e de média magnitude foram obtidos para os demais caracteres (altura, diâmetro e Brix). Por se tratar de um método que baseia-se em informações em nível individual é esperado que, de fato, valores de CV_e , assim como de outros parâmetros, sejam classificados em faixas superiores a 10%.

No entanto, para os métodos $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$, os caracteres altura, diâmetro, Brix, Pol e fibras, apresentaram CV_e de baixa magnitude, e média para TCH, TBH e TPH. Segundo DEON and RESENDE (2007), um dos parâmetros mais relevantes para a avaliação da qualidade de um experimento é a acurácia seletiva. Este, por sua vez, tem a propriedade de informar sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico do indivíduo. Tal parâmetro não depende apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, mas também da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caractere em avaliação. Neste sentido, os valores obtidos de acurácia seletiva (AC_s), de acordo com a classificação proposta pelos citados autores, foram de alta magnitude para os caracteres NC (0,73) e fibra (0,85), e de muito alta magnitude (≥ 90) para os demais caracteres, considerando os métodos de seleção via $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$. Isto é, o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e os valores preditos a partir das informações do experimento são correlacionados.

Segundo RESENDE (2002a), valores de coeficientes de variação genética total (CV_g) superiores a 10%, indicam que há variabilidade genética presente na população, para o determinado caráter em estudo e, portanto, há possibilidade de seleção. Com base nos resultados obtidos, apenas os caracteres NC, peso, KBI e TCH, para o método via $BLUP_i$, e TCH, TBH e TPH, para os métodos $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$, são passíveis de seleção.

De acordo com RESENDE (2002b), as estimativas de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduos ($h_{a(mi)}^2$) foram de baixa magnitude, variando de 0,11 a 0,17. Em contrapartida, as estimativas de herdabilidades em nível de média de família ($h_{a(mf)}^2$) foram de alta magnitude ($\geq 0,50$) para todos os caracteres, quando praticadas as seleções via $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$. Estes resultados evidenciam a vantagem de se trabalhar com infor-

mações em nível de família, pois de forma antecipada é possível prever a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada e, por conseguinte, obter sucesso com a seleção.

Tabela 4.1. Estimativas dos componentes de variância (REML) para os métodos $BLUP_i$, $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$, considerando as variáveis: **Altura**: altura média dos colmos (m); **Diâm.**: diâmetro médio dos colmos (mm); **Brix**: teor médio de sólidos solúveis (%); **NC**: Número médio de colmos; **Peso**: peso médio de cada indivíduo (kg); **KBI**: quilograma de Brix por indivíduo; **Pol**: teor médio de pol(%)/cana; **Fibra**: teor médio de fibra; **TCH**: toneladas de cana por hectare; **TBH**: toneladas de Brix por hectare; e **TPH**: toneladas de pol por hectare.

Parâmetros	$BLUP_i$										$BLUP_{is} / BLUP_{seq}$									
	Altura	Diâm.	Brix	NC	Peso	KBI *	TCH	Altura	Diâm.	NC	Brix	Pol	Fibra	TCH	TBH	TPH*				
V_{gef}	0,0264	2,23	0,832	0,31	4,15	0,152	184,0	0,024	2,18	0,121	0,711	1,190	0,1115	501,80	19,27	9,55				
V_{gdf}	0,0022	0,24	0,004	2,94	6,25	0,235	278,0	-	-	-	-	-	-	-	-	-				
V_e	0,199	20,00	5,00	20,00	55,24	1,948	2455	0,0224	1,55	1,226	0,378	0,525	0,17	364,10	16,67	6,33				
$h_{a(m,i)}^2$	0,13	0,11	0,16	0,14	0,16	0,17	0,16	-	-	-	-	-	-	-	-	-				
$h_{a(m,f)}^2$	-	-	-	-	-	-	-	0,81	0,85	0,53	0,88	0,90	0,72	0,85	0,82	0,86				
AC_s	0,36	0,33	0,40	0,37	0,40	0,41	0,40	0,90	0,92	0,73	0,94	0,95	0,85	0,92	0,91	0,93				
CV_g (%)	5,77	5,85	4,84	22,65	26,09	26,59	26,08	5,30	5,50	4,37	6,73	8,71	2,97	14,88	15,46	16,40				
CV_e (%)	15,23	16,64	11,84	56,18	60,01	59,65	60,11	5,10	4,63	13,91	3,55	5,79	3,66	12,68	14,38	13,35				

*caráter principal utilizado para seleção;

V_{gef} : variância genética entre famílias;

V_{gdf} : variância genética dentro de famílias;

V_e : variância ambiental;

$h_{a(m,i)}^2$: herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo;

$h_{a(m,f)}^2$: herdabilidade no sentido amplo em nível de média de família;

AC_s : acurácia seletiva;

CV_g (%): coeficiente de variação genética total;

CV_e (%): coeficiente de variação ambiental.

4.1.3 Correlação entre caracteres

As estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres estudados, são apresentadas na Figura 4.1. Nota-se que os valores de correlações genotípicas apresentam, na maioria dos casos, maiores magnitudes e ocorrem no mesmo sentido que as correlações fenotípicas.

Algumas discordâncias entre as correlações fenotípicas e genotípicas podem ser destacadas, como é o caso das correlações estimadas entre altura e Brix e altura e Pol, que apresentaram correlações fenotípicas moderadas ($r_f = 0,33$ e $r_g = 0,31$) e correlações genotípicas baixas ($r_g = 0,13$ e $r_f = 0,11$). Também, destacam-se as discordâncias entre as variáveis número de colmos e os parâmetros tecnológicos, Brix, fibras, pureza e Pol.

A correlação genotípica estimada entre os caracteres altura, diâmetro e número médio de colmos com toneladas de cana por hectare (TCH), apresentaram correlações alta ($r_g = 0,70$) e moderada ($r_g = 0,46$ e $0,56$), respectivamente, o que indica a possibilidade de seleção simultânea ou indireta para estas características. Os caracteres Brix e pureza apresentaram correlações fenotípicas e genotípicas altas e significativas com Pol ($r_f = 0,97$ e $0,94$; $r_g = 0,98$ e $0,95$).

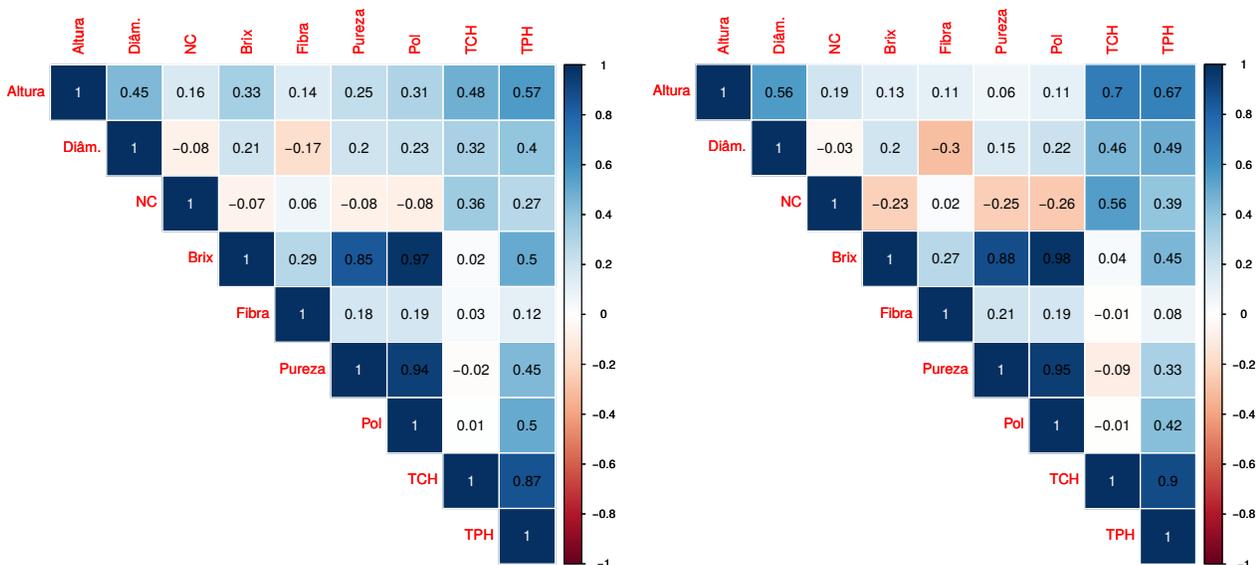


Figura 4.1. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (à esquerda) e genotípica (à direita) entre as variáveis estudadas: **Altura**: Altura média das plantas; **Diâm.**: Diâmetro médio dos colmos; **NC**: Número médio de colmos; **Brix**: Teor médio de sólidos solúveis; **Fibra**: Teor médio de fibras; **Pureza**: Teor médio de Pureza; **Pol**: Teor médio de Pol(%); **TCH**: Toneladas de cana por hectare; **TPH**: Toneladas de Pol por hectare.

4.1.4 Seleção sequencial australiana: $BLUP_{seq}$

Diferentes valores de AIC e BIC, considerando diferentes estruturas de VCOV, ajustadas para parcela dentro de bloco, foram obtidas para os diversos caracteres estudados pelo método de seleção entre e dentro de famílias, $BLUP_{seq}$ (Tabela A.2).

Em alguns casos, ambos os critérios AIC e BIC forneceram diferentes resultados, como pode ser observado nos modelos (c) e (d), para a variável altura, e nos modelos (a) e (b), para a variável fibra. Nestes casos, os modelos foram selecionados com base no menor valor de BIC, pois este penaliza o número de parâmetros do modelo, portanto, CS_{Het} e ID, respectivamente, conforme Tabela A.2.

A predição dos valores genotípicos das 92 famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar foi obtida e classificada de acordo com o potencial em produzirem toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de Brix por hectare (TBH), toneladas de pol por hectare (TPH), teor médio de sólidos solúveis (Brix), teor médio de Pol (Pol%cana) e teor médio de fibra (Fibra). Na Tabela 4.2, são apresentados os resultados das famílias que se classificaram entre os percentis de interesse e foram selecionadas.

No geral, como já mencionado anteriormente, os valores de herdabilidade no sentido amplo em nível de média família, foram de alta magnitude, variando de 0,72, para fibras, a 0,90, para Pol. Estes valores indicam que a seleção entre e dentro de famílias superiores pode ser eficaz em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar, uma vez que sua eficiência é, obviamente, função da herdabilidade do caráter selecionado. Desse modo, verifica-se que independentemente da variável estudada, a seleção de indivíduos pertencentes às famílias entre os percentis de interesse proporcionaria ganhos de seleção na ordem de 1,8 a 12,7%.

Analisando todos os caracteres de forma conjunta, fica evidente a importância das famílias 61 (SP77-5181 x RB855536), 27 (SP83-2847 x RB863129), 29 (RB928064 x SP77-5181), 34 (SP80-185 x SP77-5181), 66 (SP83-2847 x SP77-5181), 57 (SP77-5181 x RB935744) e 32 (SP77-5181 x SP80-185) para o incremento do rendimento de cana e açúcar por hectare. Além disso, destaca-se o genitor SP77-5181 por estar presente em seis das sete famílias acima do percentil P_{90} , considerando os caracteres TCH, TBH e TPH. Pode-se observar que a contribuição deste genitor ocorre tanto quando utilizado como genitor feminino quanto masculino.

Por outro lado, para os caracteres Brix e Pol, destacam-se as famílias 4 (RB855046 x RB966928), 91 (RB99395 x RB925211), 7 (RB966928 x RB855046), 3 (RB855463 x RB855156), 71 (RB835486 x RB855453), 78 (RB966928 x RB937570) e 60 (RB99395 x SP89-1115), as quais são constituídas por genitores caracterizados pelo elevado teor de sacarose.

No total, a metodologia $BLUP_{seq}$ indicou a seleção de 720 indivíduos dentro das 36 famílias com maiores valores genotípicos, para o caráter principal utilizado para seleção, toneladas de Pol por hectare (TPH), conforme as Tabelas 4.2 e 4.8. Isto representa uma intensidade de seleção de 9,8%, com diferencial de seleção (DS) de 2,78 toneladas de Pol por hectare, e um ganho de seleção predito (GS_p) de 12,7%.

Fica evidente que neste método maior intensidade de seleção é aplicada dentro daquelas famílias que apresentam maiores potenciais genotípicos.

Tabela 4.2. Classificação dos valores genotípicos (BLUP) das famílias entre diversos percentis para os caracteres: **TCH:** toneladas de cana por hectare; **TBH:** toneladas de Brix por hectare; **TPH:** toneladas de pol por hectare; **Brix:** teor médio de sólidos solúveis (%); **Pol:** teor médio de pol(%)cana e **Fibra:** teor médio de fibras. Valores preditos pelo método $BLUP_{seq}$.

Percentil	Clas.	TCH		TBH		TPH*		Brix (%)		Pol		Fibra	
		Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP
1		61	207,67	61	36,69	61	26,48	4	19,23	4	14,45	3	12,06
2		27	197,87	34	33,42	34	24,47	91	18,79	91	14,16	1	11,91
3		29	188,07	27	32,94	29	24,11	7	18,75	7	14,01	59	11,79
4		34	185,27	29	32,80	91	24,00	3	18,62	60	13,80	72	11,79
5	Acima	82	185,13	32	32,37	32	23,94	43	18,60	3	13,75	82	11,79
6	P_{90}	66	178,27	91	31,84	57	23,36	71	18,38	69	13,68	78	11,75
7		57	177,93	57	31,44	40	23,27	78	18,37	71	13,63	62	11,74
8		25	177,73	40	31,40	27	22,85	62	18,35	78	13,57	4	11,69
9		32	177,73	66	31,29	66	22,82	60	18,34	12	13,55	7	11,59
10		75	175,40	25	31,03	67	22,38	69	18,29	5	13,51	36	11,57
11		72	174,33	72	30,68	87	22,28	36	18,23	32	13,47	21	11,56
12		22	173,93	87	30,50	25	22,27	32	18,21	62	13,46	90	11,56
13		40	173,27	67	30,05	72	22,14	2	18,20	68	13,44	9	11,55
14		52	170,07	22	29,83	85	21,56	93	18,14	40	13,43	50	11,55
15	Entre	20	169,60	75	29,54	89	21,55	50	18,13	43	13,43	27	11,54
16	$P_{80} - P_{90}$	91	169,47	89	29,54	22	21,52	40	18,12	93	13,43	48	11,53
17		28	169,13	85	29,45	69	21,09	87	18,10	2	13,41	53	11,51
18		67	169,13	20	29,21	11	21,04	5	18,09	35	13,39	70	11,51
19		11	168,60	11	28,78	75	20,96	12	18,08	50	13,38	87	11,51
20		87	168,53	47	28,78	20	20,84	37	18,07	17	13,34	25	11,48
21		58	168,07	58	28,66	36	20,67	35	18,06	36	13,30	37	11,47
22		85	166,00	28	28,57	4	20,62	68	18,05	37	13,23	55	11,47
23		64	165,27	64	28,51	58	20,62	34	18,04	67	13,23	71	11,47
24	Entre	89	164,73	82	28,42	47	20,61	89	17,93	87	13,22	19	11,46
25	$P_{70} - P_{80}$	65	163,93	51	28,37	51	20,50	81	17,86	34	13,21	52	11,46
26		76	163,87	36	28,33	64	20,49	17	17,79	30	13,16	34	11,45
27		23	162,33	69	28,19	5	20,48	30	17,78	57	13,13	51	11,44

continua ...

Percentil	Clas.	TCH		TBH		TPH*		Brix (%)		Pol		Fibra	
		Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP	Família	BLUP
	28	39	162,07	19	27,94	50	20,41	47	17,77	45	13,12	69	11,43
	29	47	161,93	65	27,85	9	20,37	67	17,77	89	13,08	20	11,42
	30	55	161,20	39	27,78	2	20,36	19	17,75	9	13,07	89	11,41
	31	51	160,93	37	27,73	28	20,35	85	17,74	81	13,06	32	11,40
Entre	32	14	157,93	50	27,65	37	20,30	57	17,67	85	12,99	2	11,38
$P_{60} - P_{70}$	33	19	157,40	2	27,63	19	20,04	61	17,67	29	12,82	93	11,37
	34	9	155,87	9	27,49	60	19,86	45	17,65	66	12,80	12	11,35
	35	36	155,40	4	27,45	39	19,79	9	17,64	61	12,75	66	11,35
	36	1	155,20	5	27,42	65	19,74	51	17,63	51	12,74	92	11,34
	\bar{X}_o		150,50		26,10		18,84		17,34		12,52		11,26
	\bar{X}_s		170,54		29,71		21,62		18,11		13,37		11,55
	$h^2_{a(mf)}$		0,85		0,82		0,86		0,88		0,90		0,72
	DS		20,02		3,61		2,78		0,77		0,85		0,29
	GS_p		11,31%		11,33%		12,68%		3,90%		6,11%		1,83%

* caráter principal utilizado para seleção;

\bar{X}_o = média da população original;

\bar{X}_s = média da população selecionada;

$h^2_{a(mf)}$ = herdabilidade no sentido amplo em nível de média de família;

DS = diferencial de seleção;

GS_p = ganho de seleção predito.

4.1.5 Seleção via $BLUP_i$

Assim como realizado para o método $BLUP_{seq}$, diferentes valores de AIC e BIC considerando diferentes estruturas de VCOV, ajustadas para parcela dentro de bloco, foram obtidos para os diversos caracteres estudados pelo método $BLUP_i$ (Tabela A.3).

Ambos os critérios AIC e BIC forneceram diferentes resultados, como pode ser observado nos modelos (a) e (c), para a variável diâmetro, nos modelos (c) e (e), para a variável número de colmos por touceira, nos modelos (a) e (b), para a variável Brix, e nos modelos (c) e (d), para a variável quilograma de Brix por indivíduo (KBI). Nestes casos, os modelos foram selecionados com base nos menores valores de BIC, pois este penaliza o número de parâmetros do modelo.

A predição dos valores genotípicos (BLUP) dos 7.360 indivíduos, dentro das respectivas famílias, para os diferentes caracteres estudados, altura, diâmetro, número de colmos, Brix, peso, quilograma de Brix e toneladas de cana por hectare, foram obtidas. Como o número total de indivíduos selecionados pelo método massal foi de 400 clones, estabeleceu-se a mesma intensidade de seleção para o método $BLUP_i$. Portanto, a fim de facilitar a representações dos dados, são apresentados, nas Tabelas 4.3 e 4.4, a relação dos 40 indivíduos com maiores valores genotípicos, de acordo com os caracteres estudados.

No caso de realizar seleção para altura dos colmos, observa-se na Tabela 4.3 que dos 40 indivíduos com maiores valores genotípicos, 36 (90%) estão dentro de apenas duas famílias, 65 (H64-1887 x RB867515) e 27 (SP83-2847 x RB863129). Além do mais, nota-se que todos os 40 indivíduos com alto potencial para seleção estão fisicamente presentes na segunda repetição do experimento.

Por outro lado, levando em consideração as variáveis diâmetro dos colmos e Brix, como parâmetros principais para seleção, verifica-se que todos os 40 indivíduos com maiores valores genotípicos para esses caracteres são pertencentes às famílias 73 (RB72454 x SP80-3280) e 91 (RB99395 x RB925211), respectivamente. No entanto, para o caráter número médio de colmos, diversas famílias contribuem para os elevados valores genotípicos.

Os valores de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo ($h^2_{a(mi)}$) para os caracteres presentes na Tabela 4.3 foram de baixa magnitude, variando de 0,11 a 0,16. Ênfase pode ser dada ao caráter número médio de colmos por indivíduo que apresentou ganho predito (GS_p) de 4,0% na seleção dos 400 indivíduos com maiores valores genotípicos.

Na Tabela 4.4, verifica-se que na seleção para os caracteres peso médio de cada indivíduo (kg) e toneladas de cana por hectare (TCH), o mesmo ganho de seleção predito é obtido (6,4%), pois tratam-se de variáveis distintas apenas na escala de medida da unidade. Desta forma, os indivíduos com maiores valores genotípicos são os mesmos para ambos os caracteres. Em contrapartida, cerca de 83% dos melhores indivíduos para o caráter quilogramas de Brix por indivíduo são pertencentes à família 61 (SP77-5181 x RB845257). Tratando-se do caráter principal, considerado na seleção e comparação dos demais métodos, destaca-se o ganho esperado com a seleção, com valor de 7,5%.

Tabela 4.3. Classificação dos valores genotípicos (BLUP) dos quarenta melhores indivíduos (Ind), dentro das respectivas famílias, para os caracteres: **Altura:** altura média dos colmos (m); **Diâmetro:** diâmetro médio dos colmos (mm); **Brix:** teor médio de sólidos solúveis (%); **Nº Colmos/touc.:** Número médio de colmos por indivíduo. Valores preditos pelo método $BLUP_i$.

Clas.	Altura (m)				Diâmetro (mm)				Brix (%)				Nº Colmos/touc.			
	Família	Ind	Rep	BLUP	Família	Ind	Rep	BLUP	Família	Ind	Rep	BLUP	Família	Ind	Rep	BLUP
1	65	3	2	3,32	73	5	4	30,53	91	17	4	20,87	40	1	2	12,76
2	65	9	2	3,32	73	9	4	30,47	91	1	4	20,85	40	1	3	12,68
3	65	12	2	3,32	73	15	4	30,44	91	3	4	20,85	40	1	4	12,67
4	65	4	2	3,31	73	2	4	30,43	91	6	4	20,85	40	1	1	12,42
5	65	13	2	3,31	73	20	4	30,41	91	15	4	20,85	75	10	2	12,11
6	27	18	2	3,31	73	13	4	30,40	91	16	4	20,85	75	10	3	12,03
7	65	7	2	3,31	73	16	4	30,40	91	18	4	20,85	75	10	4	12,02
8	65	10	2	3,31	73	10	4	30,38	91	2	4	20,84	75	10	1	11,77
9	27	7	2	3,31	73	3	4	30,37	91	11	4	20,84	75	11	2	11,45
10	65	8	2	3,31	73	17	4	30,37	91	13	4	20,84	82	1	2	11,42
11	27	5	2	3,30	73	12	4	30,36	91	14	4	20,84	75	11	3	11,37
12	65	5	2	3,30	73	7	4	30,35	91	19	4	20,84	75	11	4	11,37
13	27	3	2	3,30	73	6	4	30,31	91	7	4	20,83	82	1	3	11,34
14	27	2	2	3,30	73	11	4	30,30	91	8	4	20,83	82	1	4	11,33
15	65	2	2	3,30	73	19	4	30,29	91	9	4	20,83	92	1	2	11,31
16	65	14	2	3,30	73	4	4	30,28	91	10	4	20,83	64	1	2	11,29
17	65	16	2	3,30	73	8	4	30,26	91	12	4	20,83	85	1	2	11,27
18	27	19	2	3,30	73	14	4	30,23	91	20	4	20,83	92	1	3	11,23
19	65	19	2	3,30	73	18	4	30,22	91	4	4	20,82	92	1	4	11,22
20	27	15	2	3,30	73	5	3	30,20	91	5	4	20,82	64	1	3	11,21
21	65	6	2	3,29	73	1	4	30,20	91	17	3	20,75	64	1	4	11,20
22	27	17	2	3,29	73	9	3	30,15	91	1	3	20,73	85	1	3	11,19
23	27	8	2	3,29	73	2	3	30,11	91	3	3	20,73	85	1	4	11,18
24	27	13	2	3,29	73	15	3	30,11	91	6	3	20,73	75	11	1	11,11
25	65	1	2	3,29	73	20	3	30,09	91	15	3	20,73	82	1	1	11,08
26	65	18	2	3,29	73	13	3	30,08	91	16	3	20,73	8	10	2	11,08
27	27	9	2	3,29	73	5	2	30,07	91	18	3	20,73	40	11	2	11,06
28	65	20	2	3,29	73	16	3	30,07	91	2	3	20,72	8	10	3	11,00
29	27	16	2	3,29	73	3	3	30,05	91	8	3	20,72	8	10	4	10,99
30	27	1	2	3,29	73	10	3	30,05	91	11	3	20,72	40	11	3	10,98
31	20	12	2	3,29	73	17	3	30,05	91	13	3	20,72	40	11	4	10,97
32	27	4	2	3,29	73	12	3	30,04	91	14	3	20,72	92	1	1	10,97
33	27	10	2	3,29	73	7	3	30,03	91	19	3	20,72	64	1	1	10,95
34	27	12	2	3,29	73	9	2	30,01	91	7	3	20,71	61	11	2	10,93
35	20	17	2	3,29	73	15	2	29,98	91	9	3	20,71	85	1	1	10,93
36	27	11	2	3,29	73	6	3	29,98	91	10	3	20,71	24	9	2	10,87
37	37	6	2	3,28	73	11	3	29,98	91	12	3	20,71	24	1	2	10,85
38	27	14	2	3,28	73	2	2	29,97	91	20	3	20,71	61	20	2	10,85
39	37	11	2	3,28	73	19	3	29,97	91	4	3	20,7	61	11	3	10,85
40	65	11	2	3,28	73	20	2	29,96	91	5	3	20,7	61	11	4	10,84
\bar{X}_o				2,93				26,88				18,89				7,96
\bar{X}_s				3,24				29,45				20,45				10,21
$h_{a(m_i)}^2$				0,13				0,11				0,16				0,14
DS				0,31				2,57				1,56				2,25
GS_p				0,04 (1,4%)				0,28 (1,1%)				0,25 (1,3%)				0,32 (4,0%)

\bar{X}_o = média da população original; \bar{X}_s = média da população selecionada; $h_{a(m_i)}^2$ = herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo; DS = diferencial de seleção; GS_p = ganho de seleção predito.

Tabela 4.4. Classificação dos valores genotípicos (BLUP) dos quarenta melhores indivíduos (Ind), dentro das respectivas famílias, para os caracteres: **Peso Ind.:** peso médio de cada indivíduo (kg); **KBI:** quilograma de Brix por indivíduo; **TCH:** toneladas de cana por hectare de cada indivíduo. Valores preditos pelo método $BLUP_i$.

Clas.	Peso Ind. (Kg)				KBI*				TCH			
	Família	Ind	Rep	BLUP	Família	Ind	Rep	BLUP	Família	Ind	Rep	BLUP
1	61	11	1	22,98	61	11	4	4,72	61	11	1	153,19
2	61	20	1	22,96	61	20	4	4,71	61	20	1	153,08
3	61	11	4	22,81	61	9	4	4,66	61	11	4	152,06
4	61	20	4	22,79	61	11	3	4,64	61	20	4	151,95
5	61	11	3	22,47	61	20	3	4,63	61	11	3	149,83
6	61	20	3	22,46	61	11	1	4,63	61	20	3	149,71
7	61	9	1	22,38	61	20	1	4,62	61	9	1	149,23
8	61	11	2	22,31	61	9	3	4,58	61	11	2	148,75
9	61	20	2	22,29	61	9	1	4,57	61	20	2	148,64
10	61	9	4	22,21	61	11	2	4,57	61	9	4	148,10
11	61	9	3	21,88	61	20	2	4,56	61	9	3	145,86
12	61	9	2	21,72	61	9	2	4,51	61	9	2	144,79
13	40	1	1	21,48	40	1	4	4,42	40	1	1	143,21
14	40	1	4	21,31	40	1	3	4,34	40	1	4	142,08
15	61	10	1	21,22	40	1	1	4,33	61	10	1	141,47
16	61	10	4	21,05	61	10	4	4,31	61	10	4	140,34
17	40	1	3	20,97	40	1	2	4,27	40	1	3	139,84
18	40	1	2	20,81	61	10	3	4,24	40	1	2	138,77
19	61	10	3	20,71	61	10	1	4,22	61	10	3	138,10
20	61	10	2	20,55	61	10	2	4,16	61	10	2	137,03
21	61	6	1	20,06	61	6	4	4,12	61	6	1	133,77
22	61	5	1	20,04	61	5	4	4,05	61	5	1	133,61
23	61	6	4	19,90	61	6	3	4,04	61	6	4	132,64
24	61	5	4	19,87	61	6	1	4,02	61	5	4	132,48
25	27	10	1	19,82	61	1	4	3,98	27	10	1	132,11
26	61	1	1	19,72	61	5	3	3,97	61	1	1	131,49
27	27	10	4	19,65	61	6	2	3,96	27	10	4	130,98
28	61	6	3	19,56	61	5	1	3,96	61	6	3	130,41
29	85	1	1	19,55	61	1	3	3,90	61	1	4	130,36
30	61	1	4	19,55	61	5	2	3,90	85	1	1	130,34
31	61	5	3	19,54	61	1	1	3,89	61	5	3	130,24
32	61	6	2	19,40	61	16	4	3,88	61	6	2	129,33
33	85	1	4	19,38	61	15	4	3,87	85	1	4	129,21
34	61	5	2	19,37	85	1	4	3,84	61	5	2	129,17
35	27	10	3	19,31	61	8	4	3,83	27	10	3	128,75
36	34	1	1	19,26	61	1	2	3,83	34	1	1	128,38
37	27	20	1	19,25	40	11	4	3,82	27	20	1	128,34
38	61	1	3	19,22	34	1	4	3,81	61	1	3	128,12
39	27	10	2	19,15	61	16	3	3,80	27	10	2	127,67
40	61	15	1	19,10	61	16	1	3,79	61	15	1	127,37
\bar{X}_o				12,36				2,34				82,43
\bar{X}_s				17,31				3,37				115,43
$h^2 a(mi)$				0,16				0,17				0,16
DS				4,95				1,03				33,00
GS_p				0,79 (6,4%)				0,18 (7,5%)				5,28 (6,4%)

* caráter principal utilizado para seleção;

\bar{X}_o = média da população original; \bar{X}_s = média da população selecionada; $h^2_{a(mi)}$ = herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo; DS = diferencial de seleção; GS_p = ganho de seleção predito.

4.1.6 Seleção via $BLUP_i$ s

Os valores dos efeitos genotípicos positivos e o número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada família, para os caracteres altura, diâmetro e número de colmos por indivíduo, estão apresentados na Tabela 4.5. Verifica-se que o número total de indivíduos a serem selecionados para estes caracteres foi de 1066, 755 e 871, respectivamente. Considerando a população total de indivíduos no experimento, estes valores equivalem a 14,5, 10,3 e 11,8% de intensidade de seleção, respectivamente. Destacam-se as famílias 20 (SP80-3280 x RB855511) e 65 (H64-1881 x RB867515) que estão entre as dez famílias com maiores valores genotípicos para altura e diâmetro. Além disso, destacam-se as famílias 82 (CP73-1547 x H83-9998) e 89 (RB965917 x RB945961) que também se posicionaram entre as dez melhores famílias para altura e número de colmos. Nota-se que o maior ganho de seleção predito seria obtido da seleção para diâmetro dos colmos ($GS_p = 3,38\%$), pois além de apresentar maior diferencial de seleção (1,07), é o caráter com maior estimativa de herdabilidade (0,85).

Dentre os caracteres tecnológicos, Brix, Pol e fibra, o número total de indivíduos a serem selecionados seria de 755, 818 e 661, respectivamente. Estes valores equivalem a 10,5%, 11,11% e 8,98%, respectivamente. Dentre as 10 melhores famílias para Brix, 80% classificaram-se entre as 10 famílias com alto valor genotípico para Pol. Ainda, considerando todos os caracteres apresentados na Tabela 4.6, destacam-se as famílias 4 (RB855046 x RB966928), 7 (RB966928 x RB855046) e 78 (RB966928 x RB937570), que se posicionaram conjuntamente entre as dez famílias com maiores potenciais genotípicos. O maior ganho de seleção predito (GS_p) seria obtido da seleção para Pol, com um incremento de 5,03%.

Para os caracteres de rendimento de cana e açúcar por hectare (TCH, TBH e TPH), a seleção dos indivíduos concentrar-se-ia, basicamente, dentro de 45 famílias, ou seja, pouco mais de 50% das famílias seriam descartadas como um todo, conforme Tabela 4.7. Considerando o caráter toneladas de Pol por hectare (TPH), a intensidade de seleção seria de 8,9%. Neste caso, o ganho predito com a seleção seria de 10,88%. Ainda, as famílias que se destacam entre as quatro primeiras posições para este caráter, apresentam o genitor SP77-5181 em comum, evidenciando a importância deste para utilização em futuros cruzamentos.

De forma conjunta, para todos os caracteres, observa-se que o número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias decresce à medida que o valor genotípicos aproxima-se de zero. As famílias com efeito genotípico negativo são eliminadas por inteiro, uma vez que a probabilidade de encontrar indivíduos superiores dentro destas famílias é relativamente menor.

Tabela 4.5. Valores dos efeitos genotípicos positivos ($g_{relativo}$) e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) para os caracteres: **Altura:** altura média dos colmos (m); **Diâmetro:** diâmetro médio dos colmos (mm); **N° Colmos/ind.:** Número médio de colmos por indivíduo. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$.

Família	Altura (m)		Família	Diâmetro (mm)		Família	N° colmos/touc.	
	$g_{relativo}$	n_k		$g_{relativo}$	n_k		$g_{relativo}$	n_k
27	1	50*	73	1	50*	82	1	50*
65	0,988	49	2	0,671	34	92	0,926	46
25	0,890	45	76	0,644	32	72	0,923	46
20	0,866	43	65	0,635	32	53	0,907	45
37	0,854	43	12	0,576	29	52	0,833	42
14	0,776	39	13	0,574	29	75	0,813	41
66	0,736	37	22	0,571	29	89	0,691	35
82	0,728	36	71	0,547	27	1	0,682	34
89	0,724	36	34	0,538	27	41	0,672	34
87	0,720	36	20	0,535	27	58	0,656	33
29	0,707	35	58	0,535	27	51	0,641	32
36	0,675	34	17	0,506	25	55	0,560	28
61	0,650	33	29	0,491	25	63	0,555	28
28	0,602	30	10	0,459	23	54	0,510	25
73	0,589	29	37	0,453	23	8	0,462	23
47	0,561	28	28	0,447	22	40	0,450	22
2	0,545	27	68	0,415	21	60	0,445	22
12	0,537	27	69	0,412	21	4	0,421	21
22	0,520	26	35	0,356	18	87	0,402	20
13	0,476	24	47	0,344	17	81	0,388	19
68	0,459	23	89	0,312	16	86	0,378	19
56	0,447	22	91	0,300	15	22	0,371	19
32	0,439	22	61	0,291	15	24	0,297	15
58	0,427	21	64	0,285	14	88	0,297	15
48	0,398	20	32	0,262	13	64	0,275	14
55	0,386	19	14	0,256	13	67	0,273	14
76	0,354	18	87	0,235	12	59	0,251	13
57	0,346	17	60	0,226	11	11	0,244	12
64	0,341	17	84	0,218	11	62	0,242	12
69	0,264	13	39	0,194	10	28	0,222	11
10	0,260	13	36	0,176	9	16	0,196	10
91	0,260	13	70	0,168	8	85	0,184	9
4	0,256	13	40	0,159	8	78	0,167	8
84	0,244	12	43	0,159	8	25	0,141	7
11	0,240	12	25	0,138	7	42	0,122	6
26	0,232	12	77	0,138	7	50	0,105	5
34	0,228	11	72	0,132	7	76	0,098	5
52	0,215	11	27	0,115	6	26	0,079	4
50	0,207	10	67	0,103	5	6	0,077	4
51	0,207	10	82	0,097	5	61	0,074	4
63	0,154	8	1	0,088	4	20	0,072	4
43	0,122	6	16	0,079	4	35	0,060	3
9	0,110	5	85	0,076	4	33	0,053	3
86	0,110	5	41	0,071	4	29	0,043	2
18	0,106	5	57	0,038	2	44	0,043	2
6	0,102	5	48	0,032	2	57	0,041	2
17	0,098	5	79	0,029	1	27	0,029	1
70	0,085	4	63	0,018	1	91	0,026	1
53	0,061	3				18	0,019	1
67	0,012	1						
Total		1066			755			871
\bar{X}_o	2,93			26,88			7,96	
\bar{X}_s	3,04			27,95			8,11	
$h^2_{a(mi)}$	0,81			0,85			0,53	
DS	0,11			1,07			0,15	
GS_p	0,09 (3,07%)			0,91 (3,38%)			0,08 (1,00%)	

$g_{relativo}$ = efeito genotípico relativo; n_k = número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias; *número de indivíduos a serem selecionados dentro da melhor família (n_j).

Tabela 4.6. Valores dos efeitos genotípicos positivos ($g_{relativo}$) e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) para os caracteres: **Brix:** teor médio de sólidos solúveis (%); **Pol:** teor médio de Pol(%)cana ; **Fibra:** teor médio de fibra; **Pureza:** teor médio de pureza. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$.

Família	Brix (%)		Família	Pol		Família	Fibra	
	$g_{relativo}$	n_k		$g_{relativo}$	n_k		$g_{relativo}$	n_k
4	1	50*	4	1	50*	3	1	50*
91	0,767	38	91	0,850	42	1	0,813	41
7	0,746	37	7	0,772	39	59	0,662	33
3	0,677	34	60	0,663	33	72	0,662	33
43	0,667	33	3	0,637	32	82	0,662	33
71	0,550	28	69	0,601	30	78	0,613	31
78	0,545	27	71	0,575	29	62	0,600	30
62	0,534	27	78	0,544	27	4	0,538	27
60	0,529	26	12	0,534	27	7	0,413	21
69	0,503	25	5	0,513	26	36	0,388	19
36	0,471	24	32	0,492	25	21	0,375	19
32	0,460	23	62	0,487	24	90	0,375	19
2	0,455	23	68	0,477	24	9	0,363	18
93	0,423	21	40	0,472	24	50	0,363	18
50	0,418	21	43	0,472	24	27	0,350	18
40	0,413	21	93	0,472	24	48	0,338	17
87	0,402	20	2	0,461	23	53	0,313	16
5	0,397	20	35	0,451	23	70	0,313	16
12	0,392	20	50	0,446	22	87	0,313	16
37	0,386	19	17	0,425	21	25	0,275	14
35	0,381	19	36	0,404	20	37	0,263	13
68	0,376	19	37	0,368	18	55	0,263	13
34	0,370	19	67	0,368	18	71	0,263	13
89	0,312	16	87	0,363	18	19	0,250	13
81	0,275	14	34	0,358	18	52	0,250	13
17	0,238	12	30	0,332	17	34	0,238	12
30	0,233	12	57	0,316	16	51	0,225	11
47	0,228	11	45	0,311	16	69	0,213	11
67	0,228	11	89	0,290	15	20	0,200	10
19	0,217	11	9	0,285	14	89	0,188	9
85	0,212	11	81	0,280	14	32	0,175	9
57	0,175	9	85	0,244	12	2	0,150	8
61	0,175	9	29	0,155	8	93	0,138	7
45	0,164	8	66	0,145	7	12	0,113	6
9	0,159	8	61	0,119	6	66	0,113	6
51	0,153	8	51	0,114	6	92	0,100	5
72	0,138	7	19	0,109	5	8	0,088	4
66	0,111	6	47	0,109	5	47	0,088	4
86	0,106	5	10	0,093	5	42	0,063	3
48	0,101	5	72	0,093	5	38	0,050	3
42	0,079	4	42	0,041	2	45	0,050	3
10	0,074	4	90	0,041	2	63	0,025	1
8	0,069	3	86	0,036	2			
25	0,063	3	70	0,021	1			
70	0,063	3	25	0,005	1			
29	0,053	3						
1	0,016	1						
Total		775			818			661
X_o	17,34			12,52			11,26	
\bar{X}_s	17,96			13,22			11,51	
$h^2_{a(mi)}$	0,88			0,90			0,72	
DS	0,62			0,70			0,25	
GS_p	0,55 (3,17%)			0,63 (5,03%)			0,18 (1,60%)	

$g_{relativo}$ = efeito genotípico relativo; n_k = número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias; *número de indivíduos a serem selecionados dentro da melhor família (n_j).

Tabela 4.7. Valores dos efeitos genotípicos positivos ($g_{relativo}$) e número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (n_k) para os caracteres: TCH: toneladas de cana por hectare (%); TBH: toneladas de brix por hectare ; TPH: toneladas de Pol por hectare. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$.

Família	TCH		Família	TBH		Família	TPH**	
	$g_{relativo}$	n_k		$g_{relativo}$	n_k		$g_{relativo}$	n_k
61	1	50*	61	1	50*	61	1	50*
27	0,829	41	34	0,571	29	34	0,704	35
29	0,657	33	29	0,537	27	29	0,679	34
34	0,608	30	32	0,496	25	32	0,661	33
82	0,606	30	27	0,438	22	91	0,650	33
66	0,486	24	66	0,429	21	57	0,579	29
57	0,480	24	40	0,426	21	40	0,563	28
25	0,476	24	72	0,426	21	66	0,512	26
32	0,476	24	91	0,420	21	27	0,503	25
75	0,436	22	82	0,419	21	67	0,448	22
72	0,417	21	57	0,368	18	87	0,444	22
22	0,410	20	67	0,368	18	72	0,428	21
40	0,398	20	87	0,362	18	25	0,417	21
52	0,342	17	58	0,355	18	89	0,347	17
20	0,334	17	75	0,280	14	85	0,338	17
91	0,332	17	89	0,280	14	22	0,330	17
28	0,326	16	28	0,263	13	75	0,293	15
67	0,326	16	25	0,260	13	11	0,277	14
11	0,317	16	22	0,249	12	69	0,274	14
87	0,315	16	64	0,237	12	58	0,251	13
58	0,307	15	85	0,231	12	20	0,245	12
85	0,271	14	52	0,223	11	36	0,230	12
64	0,258	13	51	0,210	11	47	0,229	11
89	0,249	12	11	0,189	9	51	0,215	11
65	0,235	12	20	0,181	9	4	0,209	10
76	0,234	12	47	0,161	8	5	0,201	10
23	0,207	10	65	0,138	7	50	0,200	10
39	0,202	10	37	0,135	7	28	0,198	10
47	0,200	10	39	0,133	7	64	0,197	10
55	0,187	9	2	0,119	6	37	0,188	9
51	0,183	9	36	0,118	6	2	0,181	9
14	0,130	7	50	0,117	6	9	0,181	9
19	0,121	6	55	0,110	6	39	0,149	7
9	0,094	5	69	0,100	5	19	0,141	7
36	0,086	4	5	0,094	5	65	0,134	7
1	0,082	4	23	0,073	4	60	0,096	5
69	0,064	3	76	0,071	4	42	0,078	4
42	0,059	3	42	0,067	3	14	0,072	4
37	0,052	3	14	0,053	3	7	0,069	3
48	0,043	2	9	0,049	2	1	0,065	3
50	0,036	2	1	0,043	2	76	0,049	2
86	0,033	2	86	0,037	2	48	0,035	2
13	0,029	1	19	0,032	2	86	0,024	1
2	0,023	1	13	0,029	1			
5	0,019	1	79	0,013	1			
Total		649			546			654
\bar{X}_o	150,50			28,39			18,84	
\bar{X}_s	166,98			31,53			21,22	
$h^2_{a(mi)}$	0,85			0,82			0,86	
DS	16,48			2,57			2,38	
GS_p	14,01 (9,31%)			2,57 (9,05%)			2,05 (10,88%)	

** caráter principal utilizado para seleção; $g_{relativo}$ = efeito genotípico relativo; n_k = número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias; *número de indivíduos a serem selecionados dentro da melhor família (n_j).

4.1.7 Seleção aleatória

No total, 400 clones foram sorteados e selecionados de forma aleatória dentro da população base. Na Tabela 4.8, apresenta-se o número de clones selecionados dentro de cada família de irmãos-completos. Observa-se que o sorteio contemplou indivíduos pertencentes a todas as 92 famílias, e as intensidades de seleção variaram de 1,3 a 11,3%.

4.1.8 Correlação entre os métodos de seleção

Após a realização da análise de correlação entre os métodos de seleção, com base no número de indivíduos selecionados dentro de cada família, para a variável TPH, observa-se correlação significativa ($p \leq 0,05$) entre os métodos $BLUP_i$ e $BLUP_{is}$ ($r = 0,76^{**}$); $BLUP_i$ e $BLUP_{seq}$ ($r = 0,65^{**}$); $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$ ($r = 0,95^{**}$), conforme Figura 4.2.

Em contrapartida, todos os métodos de seleção entre e dentro de família apresentaram baixa correlação com o método de seleção massal. Além disso, todos os métodos apresentaram baixa correlação com a seleção aleatória que, por se tratar de um método de seleção sem nenhum critério, serve como controle negativo de comparação dos demais. Em alguns casos, como para o método via $BLUP_i$, a correlação com a seleção aleatória foi não significativa ($r = -0,04^{ns}$).

A seleção via $BLUP_i$, apesar de não ser viável de forma prática, como já mencionado anteriormente, pode servir como parâmetro de comparação dos demais métodos (controle positivo). Por se tratar de uma estratégia ótima de seleção de indivíduos em fases iniciais do melhoramento, todos os métodos que se correlacionarem positivamente podem ser considerados, de certa forma, equivalentes. Neste sentido, com base nos resultados obtidos, ambos os métodos de seleção via $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$ são métodos promissores, pois apresentam elevada correlação com o método $BLUP_i$, conforme Figura 4.2.

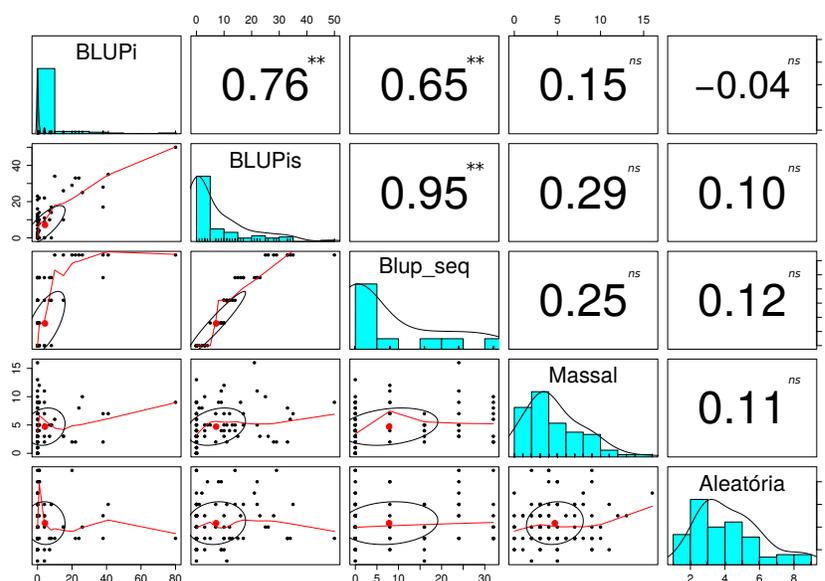


Figura 4.2. Correlação entre os métodos de seleção, com base no número de indivíduos selecionados dentro de cada família, para a variável toneladas de Pol por hectare (TPH). ** correlação significativa considerando um nível de significância de 0,05.

4.1.9 Escolha do método de seleção de família: Experimento – Primeira etapa

Nas Tabelas 4.2, 4.4 e 4.7, foram apresentados os valores de ganho de seleção predito para cada método de seleção entre e dentro de família, de acordo com o caráter utilizado como índice de seleção, neste caso, quilograma de Brix por indivíduo ($BLUP_i$) e toneladas de Pol por hectare ($BLUP_{seq}$, $BLUP_{is}$). Fica evidente que o método de seleção entre e dentro de família que proporciona maior ganho de seleção predito é o $BLUP_{seq}$ (12,7%), além da sua simplicidade e facilidade de implantação na prática. Portanto, esta estratégia, juntamente com os métodos massal e aleatória, foram de fato aplicados na população base do Experimento - Primeira etapa.

Tabela 4.8. Valores de intensidade de seleção, dentro de famílias, para os seguintes caracteres considerados na seleção do Experimento - Primeira etapa: **KBI:** quilograma de Brix por indivíduo; **TPH:** toneladas de Pol por hectare. Valores preditos pelos métodos: $BLUP_i$, $BLUP_{is}$, $BLUP_{seq}$, e obtidos pelos métodos Massal e Aleatória.

Clas.	Genitor ♀	Genitor ♂	$BLUP_i$	$BLUP_{is}$	$BLUP_{seq}^*$	Massal	Aleatória
			(KBI)	(TPH)	(TPH)		
1	SP77-5181	RB855536	80	50	32	9	3
2	SP80-185	SP77-5181	41	35	32	7	6
3	RB928064	SP77-5181	10	34	32	6	3
4	SP77-5181	SP80-185	24	33	32	8	3
5	RB99395	RB925211	22	33	32	2	3
6	SP77-5181	RB935744	20	29	32	2	9
7	SP77-5181	RB845257	38	28	32	2	5
8	SP83-2847	SP77-5181	15	26	32	3	4
9	SP83-2847	RB863129	26	25	32	10	4
10	SP77-5181	RB863129	0	23	24	3	5
11	SP80-3280	RB966928	4	22	24	11	6
12	RB928064	SP80-1079	1	22	24	5	8
13	SP80-3280	RB855536	0	21	24	16	7
14	RB965917	RB945961	8	17	24	5	6
15	RB845257	SP77-5181	38	17	24	7	3
16	RB855025	RB863129	0	16	24	9	5
17	RB98710	RB935744	7	15	24	3	3
18	SP91-1049	RB946903	1	14	24	4	9
19	RB935744	RB966928	8	14	16	5	6
20	SP77-5181	RB928064	0	13	16	5	3
21	SP80-3280	RB855511	0	12	16	7	4
22	RB872552	SP80-3280	0	12	16	4	3
23	RB966928	RB955970	4	11	16	5	1
24	RB966928	RB93509	0	11	16	2	6
25	RB855046	RB966928	15	10	16	3	4
26	RB92579	RB966928	7	10	16	5	2
27	TUC71-7	RB845210	0	10	16	4	3
28	RB925211	RB965902	0	10	8	7	3
29	RB863129	RB855536	1	10	8	12	5
30	SP80-3280	RB855589	4	9	8	9	2
31	RB855589	SP80-3280	0	9	8	11	2
32	RB966928	RB935744	0	9	8	4	8
33	SP81-3250	RB867515	1	8	8	9	8
34	H64-1881	RB867515	0	7	8	7	6
35	SP80-185	RB855036	4	7	8	2	4
36	RB99395	SP89-1115	0	5	8	5	3
37	RB965617	IAC91-5035	1	4		5	8
38	RB855511	SP80-3280	0	3		10	3
39	RB966928	RB855046	0	3		3	5
40	SP80-1079	RB928064	0	3		5	2
41	RB867515	RB876030	0	3		4	4
42	SP91-1049	RB931011	0	2		8	7
43	RB855536	RB863129	0	1		8	6
44	CP73-1547	H83-9998	8			5	3
45	RB72454	RB835486	4			7	5

continua ...

Clas.	Genitor ♀	Genitor ♂	$BLUP_i$	$BLUP_{is}$	$BLUP_{seq}^*$	Massal	Aleatória
			(KBI)	(TPH)	(TPH)		
46	RB928064	Co331	4			3	5
47	SP80-3280	RB72454	1			9	9
48	RB855113	RB835019	1			5	3
49	RB855536	SP80-3280				13	5
50	RB72454	IAC87-3396				9	4
51	RB99395	SP81-3250				9	3
52	SP80-3280	RB855589				9	2
53	RB966928	SP80-3280				7	3
54	NA84-3920	RB855002				7	3
55	SP89-1115	RB965902				6	5
56	RB72454	SP80-3280				6	3
57	SP81-3250	RB965902				5	4
58	RB835019	RB855113				4	9
59	SP81-3250	RB92579				4	6
60	SP91-1049	RB955970				4	5
61	RB72454	SP70-1143				4	5
62	RB855206	RB72454				4	3
63	SP79-1011	RB845210				4	3
64	RB835486	RB855453				3	6
65	RB845210	RB011541				3	6
66	SP80-3280	RB867515				3	6
67	RB835089	SP70-1284				3	5
68	RB855113	SP79-1011				3	5
69	RB966928	RB867515				3	4
70	RB011541	RB845210				3	4
71	RB855113	RB835089				3	4
72	RB855463	RB925211				3	3
73	SP86-155	IAC49/131				3	3
74	RB935744	SP77-5181				3	2
75	RB935744	RB867515				3	2
76	RB835089	SP70-1078				2	5
77	RB845210	TUC71-7				2	4
78	RB855511	RB92579				2	3
79	RB855156	RB855511				2	1
80	SP80-4439	RB72454				1	5
81	RB855002	NA84-3920				1	5
82	RB855113	NA56-79				1	3
83	RB855511	RB855156				1	2
84	RB966928	RB937570				0	7
85	RB946903	SP91-1049				0	5
86	RB855463	RB855156				0	4
87	RB855113	RB835632				0	4
88	SP89-1115	RB99395				0	4
89	RB966928	TUC73-516				0	3
90	RB925211	RB99395				0	3
91	Co331	RB928064				0	2
92	RB92606	H64-1881				0	2
Total			398	656	720	433	400

* classificação das famílias de acordo com os valores de intensidade de seleção do método $BLUP_{seq}$.

4.2 Experimento – Segunda etapa

Conforme descrito anteriormente, nesta etapa buscou-se prever o valor genotípico dos indivíduos selecionados a partir de diferentes estratégias de seleção de tal forma que fosse possível identificar o método que maior contribuiu com clones de alto potencial genético. Para isso, diferentes valores de AIC e BIC considerando diferentes estruturas de VCOV, ajustadas para genótipo dentro de bloco, foram obtidos para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH). Ambos os critérios AIC e BIC forneceram diferentes resultados; neste caso, selecionou-se com base no menor valor de BIC, pois este penaliza o número de parâmetros do modelo.

As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e ambientais considerando a variável toneladas de Brix por hectare (TBH), estão apresentados na Tabela 4.9. O coeficiente de variação genética (CV_g) evidencia haver variabilidade entre os indivíduos estudados, uma vez que, valores acima de 10% indicam a presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção (RESENDE, 2002a). Segundo PIMENTEL-GOMES (1985), coeficientes de variação residual (CV_e) entre 20 e 30% são considerados de alta magnitude, portanto, experimentos que apresentem esses valores são classificados como de baixa precisão experimental. Entretanto, como mencionado anteriormente, em ensaios de avaliação de cultivares o modelo genético-estatístico deve ser considerado, e não apenas a estatística CV de forma isolada. Neste sentido, de acordo com a classificação proposta por DEON and RESENDE (2007), utilizou-se como parâmetro a acurácia seletiva (AC_s) que, neste caso, foi classificada como de alta magnitude ($0,70 \leq 0,90$). A estimativa de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo (h_a^2) foi de alta magnitude ($h_a^2 \geq 50$) (RESENDE, 2002b).

Tabela 4.9. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais (REML) para a variável toneladas de Brix por hectare (TBH), avaliadas nos indivíduos provenientes dos métodos de seleção entre e dentro de família ($BLUP_{seq}$), massal e aleatória.

Parâmetros	Estimativas	Parâmetros	Estimativas
V_g	77,93	AC_s	0,78
V_e	49,60	$CV_g(\%)$	31,30
h_a^2	0,61	$CV_e(\%)$	23,68
BLUP médio = 28,20			

V_g : variância genética; V_e : variância ambiental; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em nível de média de indivíduo; AC_s : acurácia seletiva; $CV_g(\%)$: coeficiente de variação genética; $CV_e(\%)$: coeficiente de variação ambiental.

Na Figura 4.3, estão apresentados os histogramas referentes aos valores genotípicos dos clones provenientes dos métodos de seleção aleatória (A), seleção de família ($BLUP_{seq}$) (B) e seleção massal (C), para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH). Para todos os métodos, verifica-se que o grau de concentração dos valores em torno do centro de distribuição (curtose) pode ser classificado como de frequência platicúrtica, pois apresenta valores inferiores a 3 (-0,548, -0,024 e -0,010, respectivamente). Portanto, neste caso, os valores assumem uma medida de curtose menor que a distribuição normal.

Para os métodos de seleção aleatória (A) e de família ($BLUP_{seq}$) (B), observa-se uma distribuição unimodal assimétrica positiva dos valores (0,327 e 0,421, respectivamente). Isto implica numa concentração maior dos menores valores genotípicos, possuindo uma cauda mais alongada à direita. Assim, a magnitude dos desvios à direita é maior que as magnitudes à esquerda. Por outro lado, para o método de seleção massal (C), observa-se uma proximidade maior da distribuição simétrica e unimodal, pois apresenta valor próximo de zero (0,077). Isto é, a frequência dos valores genotípicos é maior em torno do centro e as caudas são semelhantes em termos da disposição de distribuição dos dados. Mesmo que esta distribuição indique que intervalos de mesma magnitude à esquerda e à direita da média têm as mesmas concentrações de valores, diferentemente do que se observa para os dados provenientes da seleção de famílias ($BLUP_{seq}$), ambos os métodos não se diferenciaram estatisticamente, considerando um nível de significância de 0,05. Em contrapartida, diferença significativa ($p \leq 0,05$), com base no teste F, é observada entre os valores genotípicos dos indivíduos de ambos os métodos comparado aos indivíduos provenientes da seleção aleatória (Figura 4.3).

Na Figura 4.4, são apresentadas as diferentes distribuições dos valores genotípicos, amostrados via *bootstrap*, para o caráter toneladas de Brix por hectare, de acordo com o método de seleção. Além disso, são apresentados os resultados dos intervalos de confiança que representam 95% de probabilidade de ocorrer a média verdadeira da

população. Observa-se que os extremos dos intervalos de confiança são os percentis da distribuição *bootstrap*, neste caso, P2,5 e P97,5. Para o extremo P2,5 foram obtidos os seguintes valores, 13,28, 18,46 e 18,57 e, para o extremo P97,5, 39,24, 42,12 e 42,81 para os métodos de seleção aleatória, família e massal, respectivamente. Além da média da população, a proporção de indivíduos superiores é estatisticamente superior ($p \leq 0,05$) para os métodos de seleção de família e massal, mesmo que o método de seleção aleatória tenha selecionado, ao acaso, genótipos em comum com estes dois métodos.

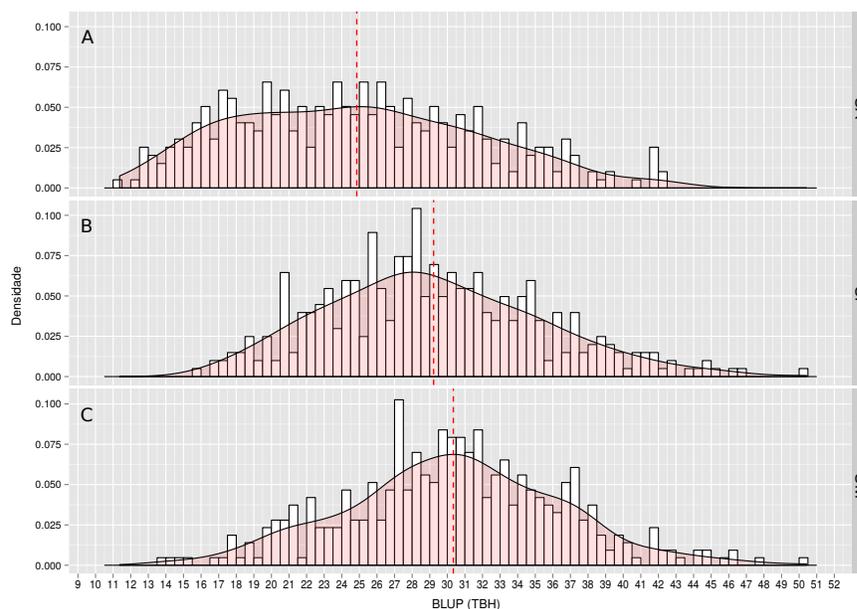


Figura 4.3. Histograma dos valores genotípicos (BLUP) para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), de acordo com o método de seleção: **A:** Seleção aleatória (SA), curtose = -0,548 e simetria = 0,327; **B:** Seleção de família ($BLUP_{seq}$) (SF), curtose = -0,024 e simetria = 0,421; **C:** Seleção massal (SM), curtose = -0,010 e simetria = 0,077.

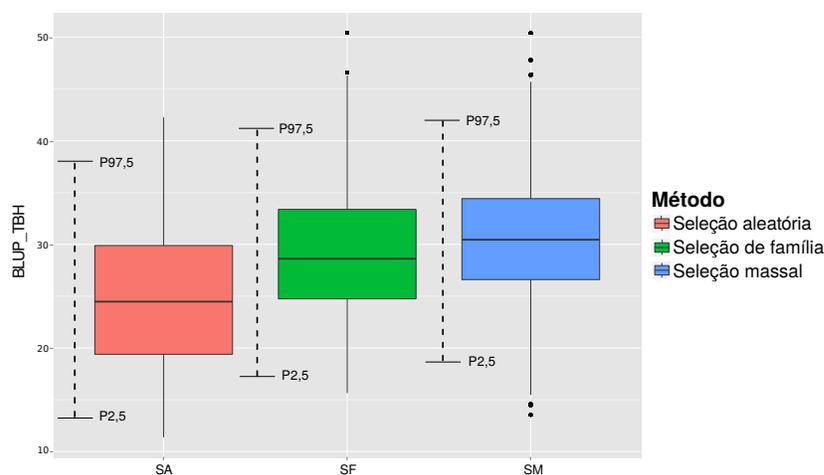


Figura 4.4. Boxplot dos valores genotípicos amostrados, via *bootstrap*, para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH). P2,5 é o percentil 2,5 e P97,5 o percentil 97,5.

5 DISCUSSÃO

No método de seleção individual, ou massal, por não ser realizado nenhuma avaliação prévia para predição dos valores genotípicos das famílias, observou-se que a seleção dos indivíduos ocorre dentro de todas as famílias que constituem a população base do experimento. Neste caso, famílias com baixo potencial genotípico são sujeitas a seleção. Em estudo comparativo entre métodos de seleção em cana-de-açúcar, BRASILEIRO *ET AL.* (2016) relatou que o método massal foi responsável pela seleção de 38% de indivíduos dentro de famílias com médias inferiores à média geral da população testada. No presente estudo, o valor obtido foi de 30%. Por outro lado, métodos que têm como base a seleção entre e dentro de família, somente as famílias com valores genotípicos positivo são exploradas por meio da seleção individual (OLIVEIRA *ET AL.*, 2013). Logo, a probabilidade de identificar clones com maiores potenciais genéticos para determinada característica, que em seguida é fixada por meio da propagação vegetativa, é superior (COX and HOGARTH, 1993a; BARBOSA *ET AL.*, 2004). Além do que, a necessidade de melhoristas para participar no processo de seleção é reduzida, visto que, em alguns casos, a seleção massal dentro das melhores famílias se concentra apenas em 40% do total de famílias que compõem a população base. Portanto, permite-se uma seleção mais detalhada e apurada e com redução de gastos relacionados à mão de obra.

Com os resultados obtidos pelo método de seleção via $BLUP_i$, fica evidente a importância de utilizarem-se métodos que auxiliem na identificação de indivíduos com alto valor genotípico para os diferentes caracteres de interesse. Com informações prévias, intensidades diferenciadas e direcionadas podem ser dadas para serem obtidos maiores ganhos de seleção. No entanto, observou-se que dependendo do caráter sob seleção, a indicação dos indivíduos a serem selecionados pode ser tendenciosa. Para seleção de número médio de colmos por indivíduo, por exemplo, verificou-se que todos os clones indicados para seleção estavam localizados nas extremidades das parcelas (indivíduos 1, 10, 11 e 20). Portanto, sofreram maior influência ambiental devido ao favorecimento de incidência de luz, menor competição por água, nutrientes, entre outros fatores. O mesmo ocorreu para outros caracteres, como TCH e KBI, ou seja, os valores foram inflacionados devido ao confundimento ambiental. Estas informações corroboram com os dados obtidos por BRASILEIRO (2013), que ao estudar estratégias de seleção, identificou que 44% dos clones selecionados por meio do método individual foram provenientes das extremidades das parcelas. Buscando contornar esta adversidade, uma estratégia seria a utilização de análises que consideram as variações decorrentes da variabilidade espacial, em nível experimental e até mesmo de parcela, para que as estimativas dos genótipos não sejam comprometidas.

Outro fato de destaque é que o método de seleção via $BLUP_i$ mostrou-se impraticável, uma vez que, para obterem-se as informações em nível de indivíduo, para a realização da análise de dados, a demanda de mão de obra e, principalmente, de tempo, foi bastante elevada. Corroborando com essas informações, BARBOSA *ET AL.* (2004) ao estudarem a utilização do procedimento REML/BLUP para seleção de famílias com alto potencial em produção de biomassa, relataram que a coleta de informações em nível individual, para uma possível análise via $BLUP_i$, é inviável. Assim, torna-se impraticável a adoção deste método para a utilização de forma rotineira em programas de melhoramento genético.

O método de seleção via $BLUP_{is}$, proposto por RESENDE and BARBOSA (2006), mostrou-se bastante eficiente, uma vez que o número de indivíduos a serem selecionados em cada família foi determinado de forma dinâmica, assim como a intensidade de seleção em cada repetição (bloco) (LOPES *ET AL.*, 2015) (Tabela A.4). Diferentemente do método $BLUP_i$, que exige a avaliação de todos os indivíduos da população base, neste método, a grande vantagem é que as estimativas dos valores genotípicos das famílias é baseada na colheita e na pesagem total das parcelas (OLIVEIRA *ET AL.*, 2013), seguida da seleção individual dentro das famílias com valores genotípicos positivos. Ao propor a seleção via $BLUP_{is}$, RESENDE and BARBOSA (2006) relataram que o número total de indivíduos a serem selecionados nas melhores famílias depende da importância relativa entre os efeitos genotípicos das famílias avaliadas. Assim, para

uma representatividade máxima de 98% do potencial da melhor família, apenas são necessários serem selecionados 50 indivíduos. Para as famílias com efeito genotípico menor este número diminui progressivamente até a família de efeito genotípico nulo.

Dentre os métodos de seleção entre e dentro de família estudados, o que apresentou maior ganho de seleção predito (12,7%), considerando o caráter principal para seleção (TPH), foi o método de seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$). Resultados semelhantes foram obtidos por COX and HOGARTH (1993b); COX ET AL. (1996), em estudos realizados na Austrália. Ganhos na ordem de 3,4 a 5,3% foram conseguidos via seleção individual, ao passo que, através da seleção combinada entre e dentro de família ($BLUP_{seq}$), os ganhos variaram de 9,7 a 12,9%. Um dos fatores para tal ganho é que ambos os métodos apresentaram estimativas de herdabilidade no sentido amplo de alta magnitude, para a grande maioria dos caracteres estudados, fato este não observado em nível individual. Segundo SKINNER ET AL. (1987); KIMBENG and COX (2003); SHANTHI ET AL. (2011), estes resultados indicam que a seleção para caracteres de baixa herdabilidade se torna mais efetiva quando realizada em nível de família. De acordo com FALCONER and MACKAY (1996), esta efetividade ocorre porque diferentemente de clones, as famílias podem ser repetidas ao longo dos anos e locais, melhorando assim as estimativas média das famílias, bem como auxiliando na identificação de famílias estáveis.

No entanto, segundo OLIVEIRA ET AL. (2013), a seleção de família só é eficiente se existir variabilidade genética na população de estudo. Considerando os métodos de seleção entre e dentro de família via $BLUP_{is}$ e $BLUP_{seq}$, os valores de coeficiente de variação genética total (CV_g) para o caráter TCH, TBH e TPH, foram superiores a 10%, ou seja, passível de seleção (RESENDE, 2002a), porém moderadamente baixos (14,88, 15,46 e 16,40%, respectivamente).

Em dados não publicados por Cox e Wei (2016)¹, das quatro regiões em que são implantados experimentos de fases iniciais no programa de melhoramento da SRA-Austrália, aplica-se a seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$) somente naquelas onde a população apresente médio a alto coeficiente de variação genética ($CV_g \geq 18$), considerando o caráter TCH. Caso contrário, o método $BLUP_{seq}$ não é eficiente, portanto, pratica-se a seleção massal. Corroborando com essa ideia, OLIVEIRA ET AL. (2008); MORAES ET AL. (2010); CASTRO (2012); BRASILEIRO (2013); LUCIUS ET AL. (2014) realizaram estudos sobre eficiência e desempenho da seleção de famílias em cana-de-açúcar; em todos os casos o método de seleção de família foi superior à seleção massal, de tal modo que os resultados de CV_g obtidos foram na ordem de 18 e 36% para TCH. Para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), CV_g na ordem de 45,87 e 36,44% foram obtidos em estudos conduzidos por MORAES ET AL. (2010); DE OLIVEIRA ET AL. (2011); OLIVEIRA ET AL. (2013). Ainda, em estudo de simulação com modelagem de interação família por ambiente e análise de variância total e entre famílias, realizado por JACKSON ET AL. (1995b), foram reportados ganhos de seleção e superioridade do método de seleção de famílias na maioria dos casos. Seleção de clones individuais, pelo método massal, foi superior apenas em casos em que houve baixa variância genética entre famílias e alta correlação genética entre o caractere selecionado e rendimento de açúcar.

Segundo KIMBENG and COX (2003), as intensidades de seleção propostas pelo método de seleção via $BLUP_{seq}$ devem ser aplicadas com certa cautela, pois dependem da base genética do germoplasma e, como tal, podem ser diferentes de acordo com o programa de melhoramento considerado. Em Louisiana, por exemplo, o melhor resultado foi obtido com 75% de intensidade de seleção entre famílias e 13% dentro de família (ZAUNBRECHER, 1995). Ainda assim, o autor afirmou que este método se mostrou apenas um pouco mais eficiente do que a seleção massal e que estes resultados são atribuídos à baixa diversidade genética ou à baixa variação obtida entre família ($CV_g = 11\%$). Durante o período de estudo, apenas cerca de 80 parentais foram usados para gerar uma média de 300 cruzamentos biparentais em Louisiana, em comparação com 800 a 1.000 parentais usados para gerar cerca de 2.500 cruzamentos na Austrália, a cada ano. No presente estudo, 65 parentais foram utilizados para gerar 92 cruzamentos.

¹Informações concedidas, Mike Cox e Xianming Wei - Sugar Research Australia (SRA), em Janeiro de 2016.

Diante dos fatos relatados e analisando os resultados obtidos neste estudo, acredita-se que a principal razão pela não diferença entre os métodos de seleção massal e de família, seja devida à baixa variância genética total entre as famílias, tanto para TCH (14,88%) e TBH (15,46%), quanto para TPH (16,40%). No entanto, informações quanto ao potencial de cada cruzamento foram geradas a partir dos dados de seleção de família. De acordo com SHANTHI *ET AL.* (2008), estudos que possam prever o resultado de um cruzamento auxiliariam os melhoristas a concentrarem mais esforços naqueles cruzamentos com maior rentabilidade, que por sua vez iriam aumentar substancialmente as chances de seleção de clones elite.

A disponibilidade de dados de família ajuda a manter ou a descartar parentais dos programa de cruzamentos e planejar melhores combinações no futuro. Portanto, com uma melhor orientação dos potenciais genitores a serem utilizados em cruzamentos seria gerada maior variância genética e, por conseguinte, seria observada maior eficiência do método de seleção entre e dentro de família. Segundo JACKSON and McRAE (1998), um benefício adicional da seleção de família é que permite que o material genético seja avaliado por diversos anos e em diferentes ambientes de produção, o que permite identificar famílias estáveis. Isto é particularmente vantajoso em situações em que se tem interação família por ambiente (KIMBENG and COX, 2003). Para COX and STRINGER (1998), com este tipo de informação prévia o ganho genético poderia ser ainda melhorado com o plantio de um maior número de clones (em parcelas extras) das melhores famílias e aumentando a intensidade de seleção individual dentro dessas famílias. Neste caso, as parcelas adicionais poderiam ser selecionadas em cana-planta sem ter a necessidade de, novamente, serem pesadas. Esta estratégia combinaria os pontos fortes da seleção de família e da utilização de cruzamentos comprovados.

Além do mais, a população delineada em nível de família pode ser de grande potencial para um programa de seleção genômica ampla (GWS). Diferentemente dos métodos de seleção que foram abordados neste estudo, a GWS, proposta por MEUWISSEN *ET AL.* (2001), utiliza informações diretas de centenas ou milhares de marcadores, os quais cobrem o genoma de maneira densa, de forma que todos os genes de um caráter quantitativo estejam em desequilíbrio de ligação com pelo menos uma parte dos marcadores. Desta forma, a eficiência seletiva é aumentada, ampliando a rapidez na obtenção de ganhos genéticos, em comparação com a seleção baseada em dados fenotípicos. Recentemente, com o avanço de novas técnicas de genotipagem o custo dos marcadores tipo SNP (*single nucleotide polymorphism*) passou a ser mais acessível e, portanto, o método tornou-se mais atrativo. De forma geral, a GWS permite a predição de valores genéticos genômicos e é excelente para caracteres de baixa herdabilidade (RESENDE *ET AL.*, 2012). Para isso, três etapas são necessárias: estimação e validação do modelo de predição; predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção; e seleção dos genótipos baseada nas predições (MEUWISSEN *ET AL.*, 2001). Além disso, para a prática da GWS, três populações podem ser definidas: população de treinamento ou de estimação; população de validação; e população de seleção.

Simulando a aplicação de um programa de GWS nas condições do presente estudo, a população base amostrada dentre 92 cruzamentos de irmãos-completos da população de referência, seria considerada como um teste de progênie. No estágio de cana-planta, todos os indivíduos desta população, denominada de treinamento ou estimação, seriam fenotipados para as várias características de interesse do melhoramento e genotipados utilizando marcadores SNPs. Posteriormente, seriam estimados todos os efeitos dos marcadores SNPs em cada uma das características avaliadas. Após serem estimados os efeitos dos marcadores, estes seriam utilizados em modelos de predição de desempenho; modelos estes que seriam validados em uma população de validação, também amostrada a partir do teste de progênie, porém em menor quantidade. Esta população de validação também seria genotipada e fenotipada para a realização da validação cruzada. Para cada indivíduo da população de validação seria então estimado o seu valor genético genômico como genitor nas próximas gerações (Valor de Melhoramento estimado Genomicamente - *GE BV Genomic Estimated Breeding Value*). Realizada a validação, o modelo seria analisado quanto à capacidade preditiva. Se satisfatória, superior, equivalente ou pelo menos próxima da capacidade preditiva obtida diretamente pelo uso dos valores fenotípicos mensurados, este modelo poderia ser utilizado na fase de seleção de novos indivíduos na popula-

ção onde ocorreu a primeira amostragem (GRATTAPAGLIA, 2014). Segundo esse mesmo autor, as principais vantagens da seleção genômica ampla são: Ganho de tempo no ciclo de melhoramento, aumento da precisão da seleção e ganhos na intensidade de seleção, dentre outras.

6 CONCLUSÕES

1. O método de seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$) se mostrou equivalente ao método de seleção massal, ou individual, quando o coeficiente de variação genético (CV_g) da população base for moderadamente baixo ($\leq 15\%$). Ênfase deve ser dada na escolha de genitores em etapas de hibridação para a ampliação da base genética. Dadas as vantagens da seleção sequencial australiana, este método pode ser recomendado em situações práticas.
2. O método de seleção via BLUP individual simulado ($BLUP_{is}$) apresentou alta correlação com o método de seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$). Em termos práticos se mostrou bastante eficiente, uma vez que, o número de indivíduos a serem selecionados em cada família é determinado de forma dinâmica, assim como a intensidade de seleção em cada repetição.
3. O método de seleção via $BLUP_i$, apesar de orientar os melhores indivíduos a serem selecionados entre e dentro da população, dependendo do caráter sob seleção, podem ser observadas tendências em selecionar indivíduos das extremidades das parcelas. Este método apresenta dificuldades práticas de implementação.

REFERÊNCIAS

- AKAIKE, H., 1974 A New Look at the Statistical Model Identification. The Institute of Electrical and Electronics Engineers Transaction and Automatic Control 19: 716–723.
- ALMEIDA, L. M., 2010 Seleção de famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar e estimativa da diversidade genética via marcador de DNA (ISSR). Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF .
- ALVES, M., 2013 Modelos mistos na seleção entre e dentro de famílias de Cana-de-açúcar sob o enfoque Bayesiano. Revista Brasileira de Biometria 31: 1–12.
- AMARAL, A. L., J. M. SANTOS, T. M. M. CÂMARA, and G. V. S. BARBOSA, 2013 Metodologia de Conservação de Pólen de Cana-de-açúcar. Comunicado técnico 127 p. 11.
- BALZARINI, M., 2001 Applications of mixed models in plant breeding. In *Quantitative genetics, genomics and plant breeding*, pp. 353–363, CABI Publishing, New York.
- BARBOSA, M. H. P., M. D. V. D. RESENDE, L. A. PETERNELLI, J. A. BRESSIANI, L. C. I. D. SILVEIRA, F. L. SILVA, and F. I. C. RODRIGUES, 2004 Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. Crop Breeding and Applied Biotechnology pp. 218–226.
- BARONA, M. A. A., 2007 *Epistasia e interação epistasia por locais para a produção de grãos em soja*. Ph.D. thesis, Universidade de São Paulo - USP/Esalq.
- BERNARDES, D. P., 2013 *Seleção de famílias de cana-de-açúcar via árvores de decisão*. Ph.D. thesis, Universidade de Viçosa - UFV, Viçosa.
- BERNARDO, R., 2010 *Breeding for quantitative traits in plants*. Stemma Press, Woodbury, second edition.
- BNDES, 2008 *Bioetanol de cana-de-açúcar : energia para o desenvolvimento sustentável*. BNDES, Rio de Janeiro.
- BORÉM, A. and G. MIRANDA, 2013 Seleção de genitores. In *Melhoramento de Plantas*, edited by A. Borém and G. V. Miranda, pp. 165–186, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 6th edition.
- BOROJEVIC, S., 1990 *Principles and Methods os Plant Breeding*. Elsevier B.V., Amsterdam.
- BRASILEIRO, B. P., 2013 *Estratégias de seleção em cana-de-açúcar*. Ph.D. thesis, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- BRASILEIRO, B. P., T. O. DE PAULA MENDES, L. A. PETERNELLI, L. C. I. DA SILVEIRA, M. D. V. DE RESENDE, and M. H. P. BARBOSA, 2016 Simulated Individual Best Linear Unbiased Prediction versus Mass Selection in Sugarcane Families. Crop Science 56: 570.
- BREAUX R, D., 1987 Some breeding strategies with bi-parental and plicrosses. In *Copersucar international sugarcane breeding workshop*, chapter 4, pp. 71–86, Copersucar, São Paulo, first edition.
- BRESSIANI, J. A., 2001 *Seleção Sequencial em Cana-de-Açúcar*. Ph.D. thesis, Universidade de São Paulo - USP/ESALQ.
- CASTRO, R. D. D., 2012 *Eficiência do método BLUPIS no melhoramento da cana-de-açúcar*. Ph.D. thesis, Universidade Federal de Viçosa.

- CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A., H. M. DE ABREU, P. ARRUDA, J. C. BESPALHOK-FILHO, W. L. BURNQUIST, S. CRESTE, L. DI CIERO, J. A. FERRO, A. V. DE OLIVEIRA FIGUEIRA, and D. S. FILGUEIRAS T., 2011 Sugarcane (*Saccharum x officinarum*): a reference study for the regulation of genetically modified cultivars in Brazil. *Trop Plant Biol* pp. 62–89.
- CONAB, 2014 Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar. Technical Report 3, Companhia Nacional de Abastecimento.
- COSTA, D., C. L. SOUZA, E. SALIBA, and J. CARNEIRO, 2015 By-products of sugar cane industry in ruminant nutrition. *International Journal of Advance Agricultural Research* 3: 1–9.
- Cox, M., 1996 Optimum Family Selection for Net Merit Grade in Stage 2 Trials. Technical report, SRA - Sugar Research Australia, Bundaberg - Austrália.
- Cox, M. and D. HOGARTH, 1993a Progress and changes in the South Queensland Variety Development Program. Technical report, ASSCT.
- Cox, M. and J. STRINGER, 1998 Efficacy of early generation selection in a sugarcane improvement program. Technical report, ASSCT, Australia.
- Cox, M. C. and D. M. HOGARTH, 1993b The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program. In *Focussed Plant Improvement: Towards Responsible and Sustainable Agriculture*, edited by B. C. Imrie and J. B. Hacker, Proc. Tenth Aust. Plant Breeding Conf, Australia, second edition.
- Cox, M. C., D. M. HOGARTH, and G. SMITH, 2000 Cane breeding and improvement. In *Manual of cane growing*, edited by D. M. Hogarth and A. P., chapter 5, p. 430, Elsevier Science, second edition.
- Cox, M. C., T. A. McRAE, J. K. BULL, and D. M. HOGARTH, 1996 Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program. In *Sugarcane: Research towards Efficient and Sustainable Production*, edited by J. R. Wilson, D. M. Hogarth, J. A. Campbell, and A. L. Garside, pp. 42–43, CSIRO, Brisbane.
- COX, T., G. LOOKHART, D. WALKER, L. HARRELL, L. ALBERS, and D. RODGERS, 1985 Genetic relationships among hard red winter wheat cultivars as evaluated by pedigree analysis and gliadin polyacrilamide gel eletrophoretic patterns. *Crop Science* 25: 1058–1063.
- CROSBIE, T.M. EATHINGTON, S.R. JOHNSON, G., M. EDWARDS, R. REITER, S. STARK, R. MOHANTY, M. OYERVIDES, R. BUHLER, A. WALKER, R. DOBERT, X. DELANNAY, J. PERSHING, M. HALL, and K. LAMKEY, 2006 Plant Breeding: Past, Present, and Future. In *Plant Breeding: The Arnel R. Hallauer International Symposium*, Blackwell, first edition.
- DAL-BIANCO, M., M. S. CARNEIRO, C. T. HOTTA, R. G. CHAPOLA, H. P. HOFFMANN, A. A. F. GARCIA, and G. M. SOUZA, 2012 Sugarcane improvement: How far can we go? *Current Opinion in Biotechnology* 23: 265–270.
- DANIELS, J. and B. T. ROACH, 1987 Taxonomy and evolution. In *Sugarcane Improvement through Breeding*, edited by D. J. Heinz, chapter 1, pp. 7–84, Elsevier B.V., Amsterdam.
- DE OLIVEIRA, R. A., E. DAROS, M. D. V. DE RESENDE, J. C. BESPALHOK-FILHO, J. L. C. ZAMBON, T. R. DE SOUZA, and A. S. F. LUCIUS, 2011 Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. *Bragantia* 70: 796–800.
- DE SOUZA, A. E. R., F. J. DE OLIVEIRA, C. J. D. A. FILHO, P. D. A. M. FILHO, L. J. O. T. DE MELO, and J. N. TABOSA, 2011 Seleção de famílias RB visando à alta produtividade e precocidade na maturação em cana-de-açúcar. *Bragantia* 70: 788–795.

- DEON, M. and V. D. RESENDE, 2007 Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares 1. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 37: 182–194.
- D'HONT, A., L. GRIVET, P. FELDMANN, S. RAO, N. BERDING, and J. C. GLASZMANN, 1996 Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. *Molecular Gen. Genet.* pp. 405–413.
- EFRON, B. and J. TIBSHIRANI, R, 1993 *An Introduction to the Bootstrap*. Chapman&Hall.
- FALCONER, D. S. and T. F. C. MACKAY, 1996 *Introduction to quantitative genetics*. Longman Group Limited, Edinburgh, fourth edition.
- FAO, 2013 Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível em: <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>. Acesso em: 20 fev. 2015.
- FEDERER, W. T., 1956 Augmented (or Hoonuiaku) designs. *Hawaiian planter's rec.* pp. 191–208.
- FERREIRA, F. M., M. HENRIQUE, P. BARBOSA, R. D. D. CASTRO, and L. A. PETERNELLI, 2005 Effects of inbreeding on the selection of sugar cane clones. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* pp. 174–182.
- FILHO, J. D. A. D., L. J. O. T. DE MELO, L. V. RESENDE, C. J. DA ANUNCIACÃO FILHO, and G. Q. BASTOS, 2011 Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar. *Revista Ciencia Agronomica* 42: 185–192.
- FISHER, R. A., 1918 The correlations between relatives in the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Roy. Soc. Edinburgh* pp. 399–433.
- GAZAFFI, R., K. M. OLIVEIRA, A. P. DE SOUZA, and A. A. F. GARCIA, 2010 Sugarcane: breeding methods and genetic mapping. In *Bioetanol de cana-de-açúcar - P&D para produtividade e sustentabilidade*, edited by L. A. B. Cortez, pp. 333–352, Blucher, São Paulo, first edition.
- GETS, A. and R. MHLANGA, 2013 *Powering the Future: Renewable Energy Roll-out in South Africa*. Greenpeace .
- GILMOUR, A., R. CULLIS, and P. VERBYLA, 1997 Accounting for Natural and Extraneous Variation in the Analysis of Field Experiments. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics* 2: 269–293.
- GONZÁLES, J. M. and J. I. CUBERO, 1993 Selection strategies and choice of breeding methods. In *Plant Breeding - Principles and prospects*, edited by M. D. Hayward, N. O. Bosemark, and I. Romagosa, chapter 18, pp. 281–370, Chapman&Hall, London, first edition.
- GRATTAPAGLIA, D., 2014 Status atual da genômica aplicada ao melhoramento florestal e o novo paradigma da seleção genômica ampla. 3º Encontro Brasileiro de Silvicultura **Bloco 2**: 99–126.
- HEINZ, D. J. and T. L. TEW, 1987 Hybridization Procedures. In *Sugarcane Improvement through Breeding*, edited by D. J. Heinz, chapter 8, pp. 313–342, Elsevier B.V., Amsterdam, v11 edition.
- HEMAPRABHA, G., P. GOVINDARAJ, N. BALASUNDARAM, and N. K. SINGH, 2005 Genetic diversity analysis of indian sugarcane breeding pool based on sugarcane specific STMS markers. *Sugar Tech* 7: 9–14.
- HOGARTH, D. M., 1987 Genetics of sugarcane. In *Sugarcane Improvement through Breeding*, edited by D. J. Heinz, pp. 255–271, Elsevier B.V., Amsterdam.

- JACKSON, P., T. McRAE, and M. HOGARTH, 1995a Selection of sugarcane families across variable environments II. Patterns of response and association with environmental factors. *Field Crops Research* 43: 119–130.
- JACKSON, P. A. and T. A. McRAE, 1998 Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. *Field Crops Research* 59: 151–162.
- JACKSON, P. A., T. A. McRAE, and J. K. BULL., 1995b The role of family selection in sugarcane breeding programs and the effect of genotype x environment interactions. *Proceedings International Society of Sugarcane Technologists* pp. 261–269.
- KIMBENG, C. A. and M. C. COX, 2003 Early Generation Selection of Sugarcane Families and Clones in Australia: a Review. *Journal american society of sugarcane technologist* 23: 20–39.
- LANDELL, M. and J. BRESSIANI, 2008 Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In *Manual da cana-de-açúcar*, edited by L. Dinardo and A. Vasconcelos, Instituto Agronomico de Campinas, Campinas.
- LANDELL, M. G. A. and J. A. BRESSIANI, 2010 Melhoramento genético e manejo varietal. In *Cana-de-açúcar*, edited by L. L. Dinardo-Miranda, A. C. M. Vasconcelos, and M. G. A. Landell, pp. 99–156, Instituto Agronomico, Campinas, first edition.
- LOPES, F., M. HENRIQUE, P. BARBOSA, M. DEON, V. D. RESENDE, and L. A. PETERNELLI, 2015 Efficiency of selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* pp. 1–9.
- LUCIUS, A. S. F., R. A. DE OLIVEIRA, E. DAROS, J. L. C. ZAMBON, J. C. B. FILHO, and M. A. A. VERISSIMO, 2014 Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via REML/BLUP. *Semina: Ciências Agrárias* 35: 101–112.
- MANISH, D. S., D. UPMA, S. PRASHANT, S. SHAILENDER, K. G. A., P. S. S., S. J. A., P. K. EAPEN, and K. S., 2014 Assessment of genetic diversity among sugarcane cultivars using novel microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology* 13: 1444–1451.
- MATSUOKA, S., A. A. F. GARCIA, and H. ARIZONO, 1999a Melhoramento de Cana-de-açúcar. In *Melhoramento de Espécies Cultivadas*, edited by A. Borém, pp. 205–252, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- MATSUOKA, S., A. A. F. GARCIA, J. BRESSIANI, and W. MACCHERONI, 2009 Hibridação da Cana-de-açúcar. In *Hibridação Artificial de Plantas*, edited by A. Borém, pp. 251–304, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, second edition.
- MATSUOKA, S., A. A. F. GARCIA, and G. C. CALHEIROS, 1999b *Hibridação em Cana-de-açúcar*. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- MEUWISSEN, T. H. E., B. J. HAYES, and M. E. GODDARD, 2001 Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157: 1819–1829.
- MILLIGAN, S. B. and B. L. LEGENDRE, 1990 Development of a practical method for sugarcane cross appraisal. *Am. Soc. Sugar Cane Technol.* pp. 59–68.
- MORAES, M., G. BASTOS, C. FILHO, L. DE MELO, and O. REIS, 2010 Avaliação agroindustrial e parâmetros genéticos de progênies de cana-de-açúcar em fase inicial na zona canavieira do litor norte de Pernambuco. *Ciênc. Agrotec.* 34: 1086–1092.

- MORAIS, L. K., M. S. AGUIAR, P. A. SILVA, T. M. M. CÂMARA, D. E. CURSI, A. R. FERNANDES JÚNIOR, R. G. CHAPOLA, M. S. CARNEIRO, and J. C. BESPALHOK, 2015 Breeding of sugarcane. In *Industrial Crops: Breeding for BioEnergy and Bioproducts*, edited by V. M. V. Cruz and D. A. Dierig, chapter 2, p. 444, Springer, New York.
- OLIVEIRA, R., E. DAROS, and J. B. FILHO, 2008 Seleção de famílias de Cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia* 9: 269–274.
- OLIVEIRA, R. A. D., E. DAROS, M. D. V. D. RESENDE, J. C. BESPALHOK FILHO, J. L. C. ZAMBON, and L. RUARO, 2013 Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures. *Acta Scientiarum. Agronomy* 35: 427–434.
- PASTINA, M., 2010 *Mapeamento de QTLs e estudo da interação entre QTLs, ambientes e cortes em cana-de-açúcar, usando a abordagem de modelos mistos*. Ph.D. thesis, Universidade de São Paulo - ESALQ/USP, Piracicaba.
- PATTERSON, H. and E. WILLIAMS, 1976 A new class of resolvable incomplete block designs. *Biometrika* 63: 83–92.
- PAYNE, R. W., D. A. MURRAY, S. A. HARDING, D. B. BAIRD, and D. M. SOUTAR, 2011 *An Introduction to GenStat for Windows - 14th Edition*. VSN International .
- PEDROZO, C. Â., 2006 *Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da Cana-de-Açúcar*. Ph.D. thesis, Universidade Federal de Viçosa.
- PEIXOUTO, L., 2009 *Seleção de famílias vs. seleção clonal nas fases iniciais do melhoramento da batata*. Ph.D. thesis, Universidade Federal de Lavras,.
- PERES, J. G., C. F. SOUZA, and N. A. LAVORENTI, 2010 Avaliação dos efeitos da cobertura de palha de cana-de-açúcar na umidade e na perda de água do solo. *Engenharia Agrícola* 30: 875–886.
- PIMENTEL-GOMES, F., 1985 *Curso de Estatística Experimental*, 12.ed. Technical report, ESALQ, Piracicaba.
- QI, Y. W., Y. B. PAN, F. Y. LAO, C. M. ZHANG, L. N. FAN, H. Y. HE, R. LIU, Q. N. WANG, S. M. LIU, F. Y. LIU, Q. W. LI, and H. H. DENG, 2012 Genetic Structure and Diversity of Parental Cultivars Involved in China Mainland Sugarcane Breeding Programs as Inferred from DNA Microsatellites. *Journal of Integrative Agriculture* 11: 1794–1803.
- R, D. C. T., 2015 *R: A language and environment for statistical computing*.
- RAM, M., 2014 *Plant breeding methods*. Prentice-Hall of India Pvt.Ltd, India.
- RAMALHO, M., J. DOS SANTOS, A. ABREU, and J. NUNES, 2012 *Aplicação da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. UFLA, Lavras, first edition.
- REN21, 2013 *Renewables - Global futures report 2013*. Ren21 p. 74.
- RESENDE, M., 2002a *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília.
- RESENDE, M., 2002b *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília.
- RESENDE, M., F. SILVA, P. LOPES, and C. AZEVEDO, 2012 *Seleção Genômica Ampla (GWS) via Modelos Mistos (REML/BLUP), Inferência Bayesiana (MCMC), Regressão Aleatória Multivariada e Estatística Espacial*. Universidade Federal de Viçosa/Departamento de Estatística, Viçosa.

- RESENDE, M. D. V. and M. H. BARBOSA, 2006 Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 41: 421–429.
- ROACH, B. and J. DANIELS, 1987 A review of the origin and improvement of sugarcane. In *Copersucar international sugarcane breeding workshop*, chapter 1, pp. 1–32, Copersucar, São Paulo, first edition.
- SANTOS, J. M. D., G. V. D. S. BARBOSA, C. E. R. NETO, and C. ALMEIDA, 2014 Efficiency of biparental crossing in sugarcane analyzed by SSR Plant material. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 14: 102–107.
- SCHWARZ, G. E., 1978 Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics* 6: 461–464.
- SEARLE, S. R., C. G., and C. E. MC CULLOCH, 1992 *Variance components*. John & Wiley, New York.
- SHANTHI, R. M., K. V. BHAGYALAKSHMI, G. HEMAPRABHA, S. ALARMELU, and R. NAGARAJAN, 2008 Relative performance of the sugarcane families in early selection stages. *Sugar Technol.* pp. 114–118.
- SHANTHI, R. M., G. HEMAPRABHA, and S. ALARMELU, 2011 An overview on the selection strategies in the sugarcane breeding programmes. *Jornal of Sugarcane Research* 1: 27–37.
- SINGH, H. N., 1981 Selection parameters in sugarcane. *Indian Journal Agricultural Sciences* 51: 562–566.
- SKINNER, J. C., D. M. HOGARTH, and K. K. WU, 1987 Selection Methods, Criteria, and Indices. In *Sugarcane Improvement through Breeding*, edited by D. J. Heinz, chapter 11, pp. p.409 – 453, Elsevier B.V., Amsterdam, 11th edition.
- SLEPER, D. A. and J. M. POEHLMAN, 2006 *Breeding field crops*. Blackwell, fifth edition.
- SMITH, A., B. R. CULLIS, and R. THOMPSON, 2005 The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science* 143: 449–462.
- SMITH, A., J. K. STRINGER, X. WEI, and B. R. CULLIS, 2007 Varietal selection for perennial crops where data relate to multiple harvests from a series of field trials. *Euphytica* 157: 253–266.
- SOUZA JR., C. L., 1989 Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. *Fealq* p. 134p.
- STRINGER, J. K., 2006 *Joint modelling of spatial variability and interplot competition to improve the efficiency of plant improvement*. Ph.D. thesis, University of Queensland, Brisbane.
- STRINGER, J. K., M. C. COX, F. C. ATKIN, X. WEI, and D. M. HOGARTH, 2011 Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. *Sugar Tech* 13: 36–41.
- TAI, P. Y. P., J. M. SHINE, J. D. MILLER, and E. S. J., 2003 Estimating the family performance of sugarcane crosses using small progeny test. *Am. Soc. Sugar Cane Technol.* pp. 61–70.
- VALOIS, A., J. DE PAIVA, F. FERREIRA, W. FILHO, and J. DANTAS, 2001 Melhoramento de espécies de propagação vegetativa. In *Recursos Genéticos & Melhoramento - Plantas*, edited by L. Nass, A. Valois, I. Melo, and M. Valadares-Inglis, chapter 11, pp. 283–292, Fundação MT, Rondonópolis - MT.
- WACLAWOVSKY, A. J., P. M. SATO, C. G. LEMBKE, P. H. MOORE, and G. M. SOUZA, 2010 Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. *Plant Biotechnol* pp. 263–276.
- WANG, C., L. GUO, Y. LI, and Z. WANG, 2012 Systematic Comparison of C3 and C4 Plants Based on Metabolic Network Analysis. *BMC Systems Biology* 6: S9.

- YADAV, R. L. and S. SOLOMON, 2006 Potential of developing sugarcane by-product based industries in India. *Sugar Tech* 8: 104–111.
- YATES, F., 1936 Incomplete randomized blocks. *Annals of Eugenics* 7: 121–140.
- YOU, Q., L. XU, Y. ZHENG, and Y. QUE, 2013 Genetic diversity analysis of sugarcane parents in chinese breeding programmes using gssr markers. *The Scientific World Journal* 2013.
- ZAUNBRECHER, R., 1995 Improving selection procedures in sugarcane using cross appraisal methods. Technical report, Masters Thesis, Louisiana State University., Louisiana.
- ZHOU, M. M., C. A. KIMBENG, S. ANDRU, T. L. TEW, M. J. PONTIF, and K. A. GRAVOIS, 2013 Evaluating sugarcane families for yield potential and repeatability using random coefficient models. *Crop Science* 53: 2352–2362.

APÊNDICES

Apêndice I

Tabela A.1. Relação das 92 famílias de irmão-completos de cana-de-açúcar utilizadas como população base para o estudo, obtidas no ano de 2011.

Cruz.	Genitor ♀		Genitor ♂	Cruz.	Genitor ♀		Genitor ♂
1	SP80-1079	x	RB928064	48	SP91-1049	x	RB931011
2	RB855589	x	SP80-3280	50	TUC71-7	x	RB845210
3	RB855463	x	RB855156	51	RB966928	x	RB93509
4	RB855046	x	RB966928	52	RB928064	x	Co331
5	RB925211	x	RB965902	53	RB835089	x	SP70-1284
6	RB855511	x	RB855156	54	RB855113	x	RB835089
7	RB966928	x	RB855046	55	Co331	x	RB928064
8	SP81-3250	x	RB965902	56	RB835019	x	RB855113
9	RB966928	x	RB935744	57	SP77-5181	x	RB935744
10	SP89-1115	x	RB965902	58	SP77-5181	x	RB928064
11	RB935744	x	RB966928	59	RB835089	x	SP70-107
12	SP80-3280	x	RB855589	60	RB99395	x	SP89-1115
13	SP80-3280	x	RB72454	61	SP77-5181	x	RB855536
14	RB855511	x	SP80-3280	62	RB966928	x	TUC73-516
15	RB946903	x	SP91-1049	63	RB855536	x	SP80-3280
16	RB855511	x	RB92579	64	RB92579	x	RB966928
17	RB855206	x	RB72454	65	H64-1881	x	RB867515
18	RB935744	x	RB867515	66	SP83-2847	x	SP77-5181
19	SP80-185	x	RB855036	67	SP77-5181	x	RB863129
20	SP80-3280	x	RB855511	68	SP91-1049	x	RB955970
21	SP79-1011	x	RB845210	69	SP91-1049	x	RB946903
22	RB855025	x	RB863129	70	SP80-3280	x	RB867515
23	RB855113	x	RB835019	71	RB835486	x	RB855453
24	RB855113	x	SP79-1011	72	RB928064	x	SP80-1079
25	SP80-3280	x	RB855536	73	RB72454	x	SP80-3280
27	SP83-2847	x	RB863129	74	RB855113	x	NA56-79
28	RB863129	x	RB855536	75	RB98710	x	RB935744
29	RB928064	x	SP77-5181	76	RB867515	x	RB876030
30	RB966928	x	RB867515	77	RB011541	x	RB845210
31	RB845210	x	TUC71-7	78	RB966928	x	RB937570
32	SP77-5181	x	SP80-185	79	RB72454	x	RB835486
33	RB72454	x	IAC87-3396	80	SP81-3250	x	RB92579
34	SP80-185	x	SP77-5181	81	RB855156	x	RB855511
35	NA84-3920	x	RB855002	82	CP73-1547	x	H83-9998
36	RB966928	x	RB955970	83	RB845210	x	RB011541
37	SP80-3280	x	RB855589	84	RB92606	x	H64-1881
38	SP89-1115	x	RB99395	85	RB845257	x	SP77-5181
39	SP81-3250	x	RB867515	86	RB855536	x	RB863129
40	SP77-5181	x	RB845257	87	SP80-3280	x	RB966928
41	SP80-4439	x	RB72454	88	RB855002	x	NA84-3920
42	RB965617	x	IAC91-5035	89	RB965917	x	RB945961
43	RB99395	x	SP81-3250	90	RB925211	x	RB99395
44	RB855113	x	RB835632	91	RB99395	x	RB925211
45	RB855463	x	RB925211	92	SP86-155	x	IAC49/131
46	RB72454	x	SP70-1143	93	RB966928	x	SP80-3280
47	RB872552	x	SP80-3280				

Apêndice II

Tabela A.2. Valores de AIC (Akaike Information Criterion) e BIC (Bayesian Information Criterion) considerando diferentes estruturas de VCOV, ajustadas para parcela dentro de bloco, para os caracteres: **Altura**: Altura média das plantas; **Diâm.**: Diâmetro médio dos colmos; **NC**: Número médio de colmos; **Brix**: Teor médio de sólidos solúveis; **Fibra**: Teor médio de fibra; **Pol**: Teor médio de Pol(%)cana; **TBH**: Toneladas de Brix por hectare; **TCH**: Toneladas de cana por hectare; **TPH**: Toneladas de Pol por hectare. Valores obtidos para os métodos $BLUP_{seq}$ e $BLUP_{is}$.

Caráter	Modelo	n_{PAR}	AIC	BIC
Altura	a) ID	-	-166,54	-158,76
	b) DIAG	4	-171,03	-151,58
	c) CS	1	-165,67	-154,00
	d) CS_{Het}	5	-169,94	-146,60
	e) Uns	-	NA	NA
Diâm.	a) ID	-	1378,36	1386,15
	b) DIAG	4	1380,75	1400,20
	c) CS	1	1380,28	1391,95
	d) CS_{Het}	5	1382,66	1406,01
	e) Uns	-	1390,98	1433,79
NC	a) ID	-	3372,48	3380,26
	b) DIAG	4	3377,83	3397,28
	c) CS	1	3374,45	3386,12
	d) CS_{Het}	5	3379,80	3403,15
	e) Uns	-	3384,80	3427,60
Brix	a) ID	-	898,35	906,12
	b) DIAG	4	901,18	920,62
	c) CS	1	900,34	912,01
	d) CS_{Het}	5	903,18	926,51
	e) Uns	10	906,58	949,36
Fibra	a) ID	-	524,91	532,69
	b) DIAG	4	524,86	544,32
	c) CS	1	526,58	538,25
	d) CS_{Het}	5	526,81	550,16
	e) Uns	10	529,03	571,83
Pol	a) ID	-	896,80	904,58
	b) DIAG	4	901,10	920,55
	c) CS	1	897,28	908,94
	d) CS_{Het}	5	901,58	924,91
	e) Uns	10	905,59	948,36
TBH	a) ID	-	2227,52	2235,30
	b) DIAG	4	2229,69	2249,14
	c) CS	1	2229,20	2240,87
	d) CS_{Het}	5	2231,39	2254,73
	e) Uns	10	2240,20	2282,98
TCH	a) ID	-	3354,02	3361,79
	b) DIAG	4	3354,54	3373,99
	c) CS	1	3356,01	3367,68
	d) CS_{Het}	5	3356,54	3379,87
	e) Uns	-	3365,89	3408,67
TPH	a) ID	-	1894,33	1902,12
	b) DIAG	4	1894,67	1914,13
	c) CS	1	1895,88	1907,56
	d) CS_{Het}	5	1896,23	1919,58
	e) Uns	-	1905,63	1948,44

Apêndice III

Tabela A.3. Valores de AIC (Akaike Information Criterion) e BIC (Bayesian Information Criterion) considerando diferentes estruturas de VCOV, ajustadas para indivíduo dentro de parcela dentro de bloco, para os caracteres: **Altura:** altura média das plantas; **Diâm.:** diâmetro médio dos colmos; **NCT:** número médio de colmos por touceira; **Peso.ind.:** peso médio de cada indivíduo; **Brix:** teor médio de sólidos solúveis; **KBI:** quilograma de Brix por indivíduo; **TCH:** toneladas de cana por hectare. Valores obtidos para o método $BLUP_i$.

Caráter	Modelo	n_{PAR}	AIC	BIC
Altura	a) ID	-	8621,33	8641,79
	b) DIAG	4	8544,16	8585,08
	c) CS	1	8622,07	8649,36
	d) CS_{Het}	5	8545,03	8592,77
	e) Uns	10	8550,43	8632,28
Diâm.	a) ID	-	39785,84	39806,30
	b) DIAG	4	39790,84	39831,76
	c) CS	1	39785,52	39812,79
	d) CS_{Het}	5	39790,51	39838,24
	e) Uns	10	39796,75	39878,58
NCT	a) ID	-	40471,69	40492,15
	b) DIAG	4	40460,89	40501,82
	c) CS	1	40433,55	40460,83
	d) CS_{Het}	5	40421,65	40469,39
	e) Uns	10	40418,24	40500,08
Peso.ind.	a) ID	-	47196,58	47217,04
	b) DIAG	4	47166,14	47207,07
	c) CS	1	47159,47	47186,75
	d) CS_{Het}	5	47130,26	47178,01
	e) Uns	10	47132,42	47214,27
Brix	a) ID	-	29420,12	29440,58
	b) DIAG	4	29418,78	29459,71
	c) CS	1	29421,24	29448,52
	d) CS_{Het}	5	29419,95	29467,69
	e) Uns	10	29422,07	29503,91
KBI	a) ID	-	24585,75	24606,22
	b) DIAG	4	24581,77	24622,70
	c) CS	1	24549,44	24576,72
	d) CS_{Het}	5	24545,51	24593,25
	e) Uns	10	24545,84	24627,69
TCH	a) ID	-	72888,06	72908,52
	b) DIAG	4	72857,62	72898,54
	c) CS	1	72850,95	72878,23
	d) CS_{Het}	5	72821,74	72869,48
	e) Uns	10	72823,90	72905,74

Apêndice IV

Tabela A.4. Predição dos valores genotípicos (BLUP) para cada bloco, de acordo com as respectivas famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar, considerando o caractere TPH: toneladas de Pol por hectare. Valores preditos pelo método $BLUP_{is}$.

Família	TPH	BLUP/Bloco				r_{B1}	r_{B2}	r_{B3}	r_{B4}	n_k
	$g_{relativo}$	1	2	3	4					
61	1	-1,06	-0,56	1,21	2,43	12	12	13	13	50*
34	0,704	-0,15	0,35	2,12	3,33	8	9	9	9	35
29	0,679	-4,84	-4,34	-2,57	-1,35	8	8	9	9	34
32	0,661	0,07	0,57	2,34	3,55	8	8	8	9	33
91	0,650	0,01	0,51	2,28	3,5	7	8	9	9	33
57	0,579	-2,66	-2,16	-0,39	0,82	7	7	7	8	29
40	0,563	-1,02	-0,52	1,25	2,47	7	7	7	7	28
66	0,512	-1,84	-1,33	0,43	1,65	6	6	7	7	26
27	0,503	-0,16	0,34	2,11	3,33	6	6	6	7	25
67	0,448	-2,11	-1,61	0,16	1,37	5	5	6	6	22
87	0,444	0,59	1,09	2,86	4,08	5	5	6	6	22
72	0,428	-2,61	-2,11	-0,34	0,88	4	5	6	6	21
25	0,417	-1,61	-1,11	0,66	1,88	5	5	5	6	21
89	0,347	-1	-0,5	1,27	2,49	4	4	4	5	17
85	0,338	-8,72	-8,22	-6,45	-5,23	4	4	4	5	17
22	0,330	-2,43	-1,93	-0,16	1,06	4	4	4	5	17
75	0,293	-1,93	-1,43	0,34	1,56	3	4	4	4	15
11	0,277	-6,11	-5,61	-3,85	-2,63	3	3	4	4	14
69	0,274	-0,46	0,04	1,81	3,02	2	3	4	5	14
58	0,251	0,34	0,85	2,61	3,83	2	3	4	4	13
20	0,245	-5,12	-4,62	-2,85	-1,63	3	3	3	3	12
36	0,230	1,01	1,52	3,28	4,5	3	3	3	3	12
47	0,229	-1,78	-1,28	0,49	1,71	2	3	3	3	11
51	0,215	-4,22	-3,72	-1,95	-0,73	2	3	3	3	11
4	0,209	1,7	2,2	3,97	5,19	2	2	3	3	10
5	0,201	-5,44	-4,94	-3,17	-1,95	2	2	3	3	10
50	0,200	2,37	2,87	4,64	5,85	2	2	3	3	10
28	0,198	-0,01	0,49	2,26	3,47	2	2	3	3	10
64	0,197	3,74	4,24	6,01	7,22	2	2	3	3	10
37	0,188	-2,74	-2,23	-0,47	0,75	2	2	2	3	9
2	0,181	-5,68	-5,18	-3,41	-2,19	2	2	2	3	9
9	0,181	3,59	4,09	5,86	7,08	2	2	2	3	9
39	0,149	-3,78	-3,28	-1,51	-0,29	1	2	2	2	7
19	0,141	3,94	4,44	6,21	7,43	1	2	2	2	7
65	0,134	-2,46	-1,95	-0,19	1,03	1	2	2	2	7
60	0,096	0,23	0,73	2,5	3,72	1	1	1	2	5
42	0,078	-0,09	0,41	2,18	3,4	1	1	1	1	4
14	0,072	-7,36	-6,86	-5,09	-3,87	1	1	1	1	4
7	0,069	-0,41	0,09	1,86	3,08	0	1	1	1	3
1	0,065	2,84	3,34	5,11	6,32	0	1	1	1	3
76	0,049	-3,46	-2,96	-1,19	0,03	0	0	1	1	2
48	0,035	-0,95	-0,45	1,31	2,53	0	0	1	1	2
86	0,024	-2,07	-1,57	0,2	1,42	0	0	0	1	1
Total						142	155	172	185	654

$g_{relativo}$ = efeito genotípico relativo; r_B = número de indivíduos a serem selecionados dentro de cada bloco (repetição); n_k = número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias, *número de indivíduos a serem selecionados dentro da melhor família (n_j).