

Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar

Cássia Ângela Pedrozo¹
Márcio Henrique Pereira Barbosa¹
Marcos Deon Vilela Resende²
Luiz Alexandre Peternelli¹
Paulo Mafra de Almeida Costa¹
Felipe Lopes da Silva¹

RESUMO

Este estudo teve por objetivos: a) Avaliar o efeito da seleção para os caracteres número, altura, diâmetro de colmos e BRIX na primeira fase de seleção (T1) em cana-de-açúcar; b) Estimar coeficientes de correlação genotípica entre caracteres na segunda fase de seleção (fase T2) e para um mesmo caráter entre as fases T1 e T2; c) Estimar parâmetros genéticos, prever valores genotípicos para a seleção de genótipos nas fases T1 e T2 pelo procedimento REML/BLUP; d) verificar a eficiência da seleção em T1 por meio da coincidência com a seleção praticada em T2. Na fase T1, constituída por genótipos provenientes do cruzamento entre os cultivares RB72454 e RB83102, foram amostrados e avaliados 130 genótipos quanto ao número de colmos, estabelecendo cinco grupos quanto a este caráter, os quais constituíram os tratamentos que foram avaliados na fase T2. Os 130 clones foram distribuídos nos cinco tratamentos e ensaiados no delineamento em blocos casualizados com 5 repetições. Avaliaram-se quatro caracteres na fase T1 e oito na fase T2. A altura e o diâmetro de colmos foram os caracteres mais promissores à seleção de genótipos na fase T1, pois apresentaram maior controle genético e maior coincidência seletiva com a fase T2. Genótipos que não apresentaram, na fase T1, pelo menos cinco colmos na touceira deverão ser descartados. Na fase T2 a produção estimada de colmos apresentou elevada correlação genotípica com toneladas de colmos por hectare, podendo ser empregada na seleção indireta. Os genótipos RB987620, RB987572 e RB987561 apresentaram os maiores valores genotípicos preditos quanto à produção de BRIX.

Palavras chave: *Sacharum spp.*, modelos mistos, seleção em múltiplos estágios

ABSTRACT

Selection efficiency at the initial phases in sugarcane improvement

The objectives of this study were: a) evaluate the effect of selection for the number, height, diameter of the stalks and BRIX at the first selection phase (T1) in sugarcane; b) estimate the genotypic correlation coefficients among characters at the second selection phase (T2) and for a same character between phases T1 and T2; c) estimate the genetic parameters to predict genotypic values for the selection of genotypes at phases T1 and T2 using REML/BLUP; d) verify the selection efficiency at T1 by the coincidence with selection at T2. At phase T1, consisting of genotypes from the crossing between the cultivars RB72454 and RB83102, 130 genotypes were sampled and evaluated for stalk numbers, which were evaluated at phase T2. The 130 clones were distributed into the five treatments and assayed under the randomized block design with 5 replicates. Four characters at phase T1 and eight at phase T2 were evaluated.

¹ Universidade Federal de Viçosa (UFV), Departamento de Fitotecnia, 36570-000 Viçosa, MG, Brasil. E-mail: cassiapedrozo@yahoo.com.br, barbosa@ufv.br

² Embrapa - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, Caixa Postal 319, 83411000 Colombo, PR, Brasil. E-mail: deon@cnpf.embrapa.br

The height and diameter of the stalks were the most promising characters for genotype selection at phase T1, since they showed both higher genetic control and selective coincidence with phase T2. Those genotypes that did not show at least 5 stalks in stool at phase T1 were rejected. At phase T2, the stalk yield showed high genotypic correlation with stalk tons/ hectare, therefore the indirect selection can be used. The genotypes RB987620, RB987572 and RB987561 showed the highest predicted genotypic values for BRIX yield.

Key words: *Sacharum spp.*, mixed models, multiple-stage selection

INTRODUÇÃO

A primeira fase de seleção no melhoramento da cana-de-açúcar (fase T1), ou seja, aquela realizada na população gerada a partir da hibridação entre genitores previamente selecionados e que ocorre em nível de indivíduo, é passível de ser melhorada pela avaliação crítica dos critérios utilizados em tal processo. Nesta fase inicial, é comum a prática de seleção indireta para o caráter produção de colmos via número de colmos presentes na touceira, altura e diâmetro de colmos. Devido ao fato destes caracteres apresentarem baixa herdabilidade individual (Skinner *et al.*, 1987; Hogarth *et al.*, 1997), alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar têm praticado, rotineiramente, a estratégia de seleção de famílias (Cox *et al.*, 2000; Bressiani, 2001; Kimbeng & Cox, 2003). No entanto, apesar da capacidade desta estratégia em incrementar os ganhos com a seleção, a seleção de indivíduos dentro das famílias passa, necessariamente, pelo processo de avaliação visual, conforme relatado por Resende & Barbosa (2006). Dada à grande dificuldade em obter dados em nível individual, estes autores sugeriram o uso da metodologia BLUP individual simulado (BLUPIS), que é um modelo matemático para indicar o número de indivíduos a ser selecionado, visualmente, por família, o número total de clones a ser avançado e o número de famílias a contribuir com indivíduos selecionados.

A eficácia da seleção na fase inicial poderá ser incrementada se ênfase for dada aos componentes da produção que melhor se correlacionam com a produção dos genótipos em futuras gerações clonais. Na cultura da cana-de-açúcar, além de estudos que permitem conhecer a respeito da correlação entre caracteres dentro de fases de seleção, há interesse, também, do conhecimento da correlação entre um mesmo caráter em diferentes fases, uma vez que, a expressão de um caráter pode variar ao longo das fases, fato que se deve principalmente à influência do ambiente no comportamento dos genótipos avaliados (Mariotti, 1968). Na literatura são encontrados diversos estudos com o objetivo de se avaliar a correlação fenotípica e genotípica dentro de fases de seleção, ao passo que, estudos entre fases, são menos frequentes (Bressiani, 1993; Mariotti, 1973).

Este trabalho teve por objetivos: a) Avaliar o efeito da seleção para os caracteres número, altura e diâmetro

de colmos e BRIX na primeira fase de seleção (T1) em cana-de-açúcar; b) Estimar coeficientes de correlação genotípica entre caracteres na segunda fase de seleção (fase T2) e para um mesmo caráter entre as fases T1 e T2; c) Estimar parâmetros genéticos, predizer valores genotípicos para a seleção de genótipos nas fases T1 e T2 pelo procedimento REML/BLUP; d) verificar a eficiência da seleção em T1 por meio da coincidência com a seleção praticada em T2.

MATERIAL E MÉTODOS

A população base para este estudo foi obtida a partir do cruzamento entre os cultivares RB72454 e RB83102, o qual se realizou em janeiro de 1998, na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro, município de Murici-AL, sob a responsabilidade da Universidade Federal de Alagoas - UFAL. A estação situa-se à latitude 9°13'S, longitude 35°50' W e a 450-500 m de altitude.

As sementes assim obtidas foram semeadas em casa de vegetação, em julho de 1998, no Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar – CECA, da Universidade Federal de Viçosa, o qual se localiza no município de Oratórios – MG, à latitude 20°25' S, longitude 42°48' W e a 494 m de altitude.

Dois experimentos referentes à primeira (Fase T1) e segunda (fase T2) fases de seleção foram instalados. Em novembro de 1998 um total de 5298 genótipos foi plantado para o campo, constituindo a fase T1. Nesta fase os genótipos foram plantados individualmente e espaçados a 0,5 metro no sulco de plantio. A adubação e tratamentos culturais foram realizados de acordo com aqueles recomendados para a cultura da cana-de-açúcar.

Em junho de 2000, na soca da fase T1, foram amostrados 130 genótipos que definiram 5 tratamentos, os quais constituiram o experimento referente à fase T2. Os tratamentos foram definidos de acordo com o número de colmos presentes na touceira, conforme o seguinte critério: Tratamento 1 = genótipos que apresentaram 2, 3 ou 4 colmos na touceira; Tratamento 2 = genótipos que apresentaram 5, 6 ou 7 colmos; Tratamento 3 = genótipos que apresentaram 8, 9 ou 10 colmos; Tratamento 4 = genótipos que apresentaram 11, 12 ou 13 colmos e; Tratamento 5 = genótipos que apresentaram mais de 14 colmos.

Para cada touceira amostrada na fase T1, foram avaliados os seguintes caracteres: altura do colmo-AC (metros),

diâmetro médio do colmo-DIA (cm), BRIX (porcentagem peso/peso dos sólidos solúveis contidos em uma solução) e número de colmos por touceira. Para quantificar os três primeiros caracteres, foram avaliados, ao acaso, três colmos industrializáveis por touceira, enquanto que o número de colmos-NC foi constituído por dado único, transformado para número de colmos por metro-NCM. Na fase T1 não foi empregado qualquer tipo de delineamento experimental, uma vez que cada genótipo estava representado por uma planta.

O experimento correspondente à fase T2 foi instalado em março de 2002, com mudas dos genótipos amostrados na fase T1, propagados vegetativamente. Cada genótipo foi plantado em dois sulcos de 3 metros de comprimento, espaçados entre si de 1,40 metros. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, composto pelos cinco tratamentos descritos anteriormente e por cinco repetições. Cada tratamento foi constituído de 30 genótipos, correspondente a 26 clones e quatro cultivares-padrão.

Nas duas primeiras socas da fase T2, as quais correspondem aos anos de 2004 e 2005, respectivamente, além dos mesmos caracteres avaliados na fase T1, avaliaram-se, o peso médio de colmos-PMC (kg), produção estimada de colmos-PE (kg de colmos por parcela estimado pelo produto entre AC, DIA e NC conforme Chang e Milligan, 1992; assumiu-se o colmo como cilindro perfeito e com densidade específica igual a um), toneladas de colmos por hectare-TCH e toneladas de BRIX por hectare-TBH (obtida pela expressão: $[TCH \times BRIX \text{ médio}]/100$). Para os caracteres BRIX, diâmetro e altura de colmos foram avaliados cinco colmos industrializáveis, tomados ao acaso, por parcela. O diâmetro foi medido em campo no terço médio do colmo utilizando-se um paquímetro.

Para avaliar o efeito dos tratamentos definidos na fase T2, realizaram-se as análises de variância, sendo a comparação, entre médias dos tratamentos, realizada pelo teste de Tukey ($\alpha=0.05$), utilizando-se o software SISVAR (Ferreira, 2000). O modelo estatístico utilizado neste caso é descrito abaixo.

$$\text{Modelo (a)} \quad Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor fenotípico observado no tratamento i ($i = 1$ a 5) e no bloco j ($j = 1$ a 5);

m : média geral do experimento;

t_i : efeito do tratamento i ;

b_j : efeito do bloco j ;

e_{ij} : erro aleatório associado à observação Y_{ij} .

As análises genético-estatísticas referentes ao conjunto de dados registrados na fase T1, exceto para o caráter número de colmos por touceira, o qual se constituiu de dado único, e ao conjunto de dados registrados na fase T2, foram realizadas por meio do software computacional SELEGEN – REML/BLUP (Resende,

2002a, 2002b). Os modelos genético-estatísticos utilizados para análise das duas fases de seleção são descritos abaixo.

Modelo utilizado para análise da fase T1

$$\text{Modelo (b)} \quad Y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo colmo.

μ : média geral do experimento.

g_i : efeito aleatório do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, G$).

b_j : efeito fixo do j -ésimo colmo, tomado como similar a medição ou bloco ($j = 1, 2, \dots, B$).

e_{ijk} : resíduo ou erro aleatório.

Neste modelo, o vetor dos efeitos de colmos foi usado para contemplar as medidas repetidas (no espaço ou posição) realizadas em cada touceira, amostrando-se vários colmos. Dessa forma, os efeitos genotípicos preditos não são completamente livres de efeitos ambientais, mas contemplam também os efeitos de ambiente permanente de cada touceira, associados aos vários colmos em uma mesma touceira.

Modelo utilizado para análise da fase T2

$$\text{Modelo (c)} \quad Y_{ijk} = \mu + g_{i/k} + b_j + t_k + p_{kj} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado do i -ésimo clone do k -ésimo tratamento no j -ésimo bloco;

μ : média geral do experimento;

$g_{i/k}$: efeito aleatório do i -ésimo genótipo dentro do tratamento k ($i = 1, 2, \dots, G$);

p_{kj} : efeito aleatório do k -ésimo tratamento no j -ésimo bloco, ou seja, efeito da parcela kj ($k = 1, 2, \dots, P$);

b_j : efeito fixo do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, B$);

t_k : efeito aleatório do k -ésimo tratamento ($k = 1, 2, \dots, T$);

e_{ijk} : resíduo ou erro aleatório.

Pelo modelo (c), no presente caso, os clones procedem de diferentes classes quanto ao número de colmos, as quais foram denominadas de tratamentos.

De posse dos valores genotípicos preditos dos caracteres avaliados em ambas as fases de seleção, exceto do NC avaliado na fase T1, do qual se utilizaram os próprios valores fenotípicos, obtiveram-se estimativas dos coeficientes de correlação genotípica na fase T2 e entre as fases T1 e T2. A significância estatística desses coeficientes foi testada pelo teste t , ao nível de 1% e 5% de probabilidade, utilizando-se o software GENES (Cruz, 2004).

A partir dos valores genotípicos preditos foram obtidos, também, os avanços genéticos para cada caráter avaliado nas fases T1 e T2 e as porcentagens de coincidência de genótipos selecionadas em ambas as fases de seleção.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 são apresentados os valores dos quadros médios de tratamentos, bem como os resultados do teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade para os caracteres avaliados na fase T2, considerando a média das duas socas. Observou-se que não houve diferenças significativas entre as médias de tratamentos para altura, diâmetro e peso médio do colmo (AC, DIA, PMC, respectivamente), produção estimada de colmos (PE) e BRIX. Este resultado era esperado, uma vez que não se praticou seleção para tais caracteres durante a obtenção dos genótipos na fase T1, utilizando-se o número de colmos por touceira como único critério de amostragem para constituir os tratamentos. Ao se considerar os caracteres número de colmos por metro (NCM), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de BRIX por hectare (TBH), observou-se, no entanto, que as médias de tratamentos diferiram entre si, confirmando a importância do número de colmos para seleção na fase T1.

Em média, genótipos com menos de cinco colmos na touceira apresentaram tendência de serem menos produtivos, não devendo ser selecionados nem mesmo quando as demais características avaliadas forem favoráveis. O ideal seria a seleção de touceiras com 14 ou mais colmos.

As estimativas da herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g), considerando as fases de seleção T1 e T2 encontram-se na Tabela 2. Observou-se grande variação das estimativas entre as duas fases, sendo que, as maiores variações foram encontradas para AC, sendo a estimativa de 0,6559 na fase T1 e, em média, 0,2152 na fase T2. O caráter DIA, por outro lado, foi o caráter que apresentou as menores variações, ou seja, 0,4785 na fase T1 e, em média, 0,2765 na fase T2. No entanto, as estimativas de h^2_g obtidas para a fase T1 estão superestimadas, uma vez que os efeitos genotípicos preditos pelo modelo (b) contemplam também os efeitos de ambiente permanente de cada touceira. Assim, essas estimativas são melhor definidas como repetibilidades do que como herdabilidades. Grandes variações nas estimativas de herdabilidade no

Tabela 1. Médias fenotípicas para os caracteres altura de colmos (AC), BRIX, diâmetro de colmos (DIA), peso médio do colmo (PMC), produção estimada de colmos em kg por parcela (PE), número de colmos por metro (NCM), produtividade de colmos por hectare (TCH) e produtividade de BRIX por hectare (TBH) de 130 genótipos (clones) de cana-de-açúcar agrupados em cinco tratamentos obtidos de acordo com o número de colmos contidos na touceira, na fase T1⁽¹⁾.

TRATAMENTOS ⁽²⁾	CARACTERES							
	AC(m)	BRIX(%)	DIA(cm)	PMC(kg)	PE(kg)	NCM	TBH(t)	TCH(t)
1	2,61	19,54	3,00	1,79	38,12	8,77 a	21,30 a	107,66 a
2	2,65	19,77	2,97	1,89	42,46	9,91 b	25,75 b	129,37 b
3	2,70	19,33	2,96	1,87	42,72	10,07 b	25,38 b	130,74 b
4	2,67	20,00	2,81	1,77	41,07	11,11 b	26,82 b	134,16 b
5	2,78	19,77	2,85	1,83	46,74	12,02 c	29,48 c	149,62 c
Média geral	2,68	19,68	2,92	1,83	42,22	10,38	25,75	130,31
QM t ⁽³⁾	0,0195 ^{ns}	0,3345 ^{ns}	0,0346 ^{ns}	0,0128 ^{ns}	48,5172 ^{ns}	7,6733 ^{**}	43,7741 ^{**}	1126,9042 ^{**}
CV ⁽⁴⁾	5,65	3,58	4,00	14,07	14,12	9,78	11,86	12,83

** : significativo a 5 % de probabilidade pelo teste F. ns: não significativo.

⁽¹⁾ Médias seguidas de letras iguais, na mesma coluna, não diferem entre si pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). ⁽²⁾ Tratamento 1: touceiras com 2, 3 ou 4 colmos; Tratamento 2: touceiras com 5,6 ou 7 colmos; Tratamento 3: touceiras com 8,9 ou 10 colmos; Tratamento 4: Touceiras com 11, 12 ou 13 colmos; Tratamento 5: touceiras com 14 ou mais colmos. ⁽³⁾ Quadrado médio de tratamento. ⁽⁴⁾ Coeficiente de variação ambiental.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g) com os seus respectivos desvios padrões (s), para altura de colmos (AC), diâmetro de colmos (DIA) e BRIX avaliados na primeira fase de seleção (T1) e para altura de colmos, diâmetro de colmos, BRIX, número de colmos por metro (NCM), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos em kg por parcela (PE), produtividade de BRIX por hectare (TBH) e produtividade de colmos por hectare (TCH) avaliados na segunda fase de seleção (T2).

		CARACTERES ⁽¹⁾							
		AC(m)	DIA(cm)	BRIX(%)	NCM	PMC(kg)	PE(kg)	TBH(t)	TCH(t)
FASE T1	h^2_g	0,6559	0,4785	0,6698					
	s	±0,1161	±0,0992	±0,1174					
FASE T2⁽¹⁾	h^2_g	0,2152	0,2765	0,2421	0,2505	0,1337	0,3953	0,452	0,4592
	s	±0,0484	±0,0548	±0,0513	±0,0519	±0,0385	±0,0656	±0,0701	±0,0706

⁽¹⁾ Média da primeira e segunda soca

sentido restrito entre as três primeiras fases de seleção em cana-de-açúcar foram também observadas por Bressiani (1993).

Os desvios padrões (s) associados a cada estimativa de h^2_g foram moderados a baixos, revelando que todas as herdabilidades estimadas são estatisticamente maiores que zero. Bressiani (1993) encontrou baixos desvios associados às estimativas de herdabilidade no sentido restrito obtidas para a segunda e para a terceira fase de seleção.

Na fase T1 as maiores magnitudes de h^2_g foram observadas para os caracteres BRIX e AC, evidenciando maior possibilidade de obtenção de genótipos superiores quanto a estes dois caracteres em relação ao DIA. Por outro lado, ao se considerar as magnitudes de h^2_g para a fase T2, observa-se que os caracteres TBH e TCH são os mais promissores à seleção. No entanto, as reduzidas estimativas obtidas para os outros caracteres ressaltam a impossibilidade de se praticar seleção individual de alta intensidade nas fases iniciais de seleção.

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_g) entre caracteres avaliados na fase T2 bem como suas significâncias se encontram na Tabela 3. Exceto para a associação do BRIX com os caracteres AC, DIA, PMC e PE, e do NCM com DIA e PMC, todas as demais combinações apresentaram estimativas de r_g significativas ao nível de 1 ou 5% de probabilidade.

As maiores estimativas de r_g na fase T2 envolvendo o caráter TBH foram encontradas para PE (0,9147) e NCM (0,7999). A correlação entre TBH e AC foi relativamente moderada (0,4692), enquanto que as demais correlações envolvendo TBH foram baixas. Outras correlações genotípicas de alta magnitude foram obtidas entre TCH e TBH, TCH e PE, TCH e NCM e entre PE e NCM.

Durante a seleção de genótipos para avaliação do caráter toneladas de colmos por hectare (TCH) é necessário que toda a parcela seja colhida e pesada. Tal procedimento além de ser trabalhoso, inviabiliza o processo de obtenção de mudas para a instalação de experimentos subsequentes. Desta forma, um procedimento alternativo e não destrutivo para avaliar a produção de colmos de plantas

individuais seria aquele obtido pela produção estimada de colmos (PE), a qual é obtida com dados dos componentes da produção de colmos (número, altura e diâmetro de colmos). Neste estudo, observou-se alta correlação entre PE e TCH (0,9315), indicando a possibilidade de prática de seleção indireta para TCH por meio da PE.

Em fases iniciais de seleção de genótipos de cana-de-açúcar, além de se considerar caracteres de alta herdabilidade, como BRIX e resistência a doenças, um outro caráter que tem sido considerado é o número de colmos (Matsuoka *et al.*, 2005). No presente estudo, constata-se que o componente NCM se mostrou como bom indicador da produção de BRIX (TBH) na fase T2, devendo ser observado com mais ênfase quando se tem por objetivo a seleção indireta para TBH.

As estimativas de r_g dos caracteres avaliados entre as fases de seleção T1 e T2, bem como suas significâncias podem ser observadas na Tabela 4. Dentre os caracteres avaliados em ambas as fases (AC, DIA, BRIX e NCM), a AC e o DIA foram os que apresentaram as estimativas mais consideráveis de r_g entre as fases (0,5016 e 0,4341, respectivamente). Isto indica que a avaliação destes dois caracteres na fase T1 pode, razoavelmente, predizer o comportamento dos genótipos quanto a estes mesmos caracteres na fase de seleção posterior (fase T2). Estes resultados são parcialmente concordantes com aqueles apresentados por Cuenya *et al.* (1999), os quais relataram que o DIA, o PMC e a AC foram os caracteres que resultaram em maior eficiência de seleção precoce dentro de um modelo modificado de seleção (modelo onde foi eliminada uma das fases intermediárias de seleção clonal, aumentando-se consequentemente, o tamanho das parcelas avaliadas).

O comportamento dos genótipos na fase T1 não foi satisfatoriamente reproduzível na fase T2 quanto ao BRIX e ao NCM, uma vez que estes caracteres apresentaram menores estimativas de r_g entre as fases de seleção (0,3172 e 0,2158, respectivamente). A estimativa de r_g para BRIX diferiu daquela encontrada por Mariotti *et al.* (1979), citados por Matsuoka *et al.* (2005), que relatam que este caráter

Tabela 3. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_g) entre os caracteres altura de colmos, diâmetro de colmos, BRIX, número de colmos por metro (NCM), peso médio de colmos (PMC), produção estimada de colmos em kg por parcela (PE), produtividade de BRIX por hectare (TBH) e produtividade de colmos por hectare (TCH) avaliados na segunda fase de seleção (fase T2), considerando 130 clones ⁽¹⁾.

CARACTERES	DIA (cm)	NCM	PMC (kg)	PE (kg)	TBH (t)	TCH (t)	BRIX (%)
AC (m)	0,2437**	0,2792**	0,4215**	0,5093**	0,4692**	0,4739**	0,0738
DIA		0,0322	0,5107**	0,3688**	0,2822**	0,2956**	-0,032
NCM			0,0218	0,7848**	0,7999**	0,8006**	0,1807*
PMC				0,2775**	0,3470**	0,3449**	0,0523
PE					0,9147**	0,9315**	0,1003
TBH						0,9892**	0,2946**
TCH							0,1904*

* Significativo ao nível de 5% e ** Significativo ao nível de 1%.

⁽¹⁾Média da primeira e segunda soca

ter foi o que apresentou maior repetibilidade entre a fase 1 e a fase 2 de seleção. No entanto, as estimativas de r_g , assim como as estimativas de h_g , são inerentes à população avaliada.

Ao se analisar as correlações entre caracteres avaliados na fase T1 e o caráter TBH avaliado na fase T2 (Tabela 4) observa-se que, apenas a AC e o NCM mostraram correlações significativas (ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente) com TBH. No entanto, essas duas estimativas apresentaram baixas magnitudes, ou seja, 0,1762 e 0,2535, respectivamente. As reduzidas magnitudes dos coeficientes de r_g obtidos entre as duas fases de seleção, reafirmam a impossibilidade de se selecionar com alta intensidade na fase T1.

As médias genotípicas (m) e os avanços genéticos esperados (AGEs) sob três proporções de seleção (10, 20 e 40%) dos caracteres avaliados nas fases T1 e T2 são

apresentados na Tabela 5. Na fase T1, o caráter AC foi o que apresentou o maior AGE nas três proporções de seleção (17,52, 13,53 e 9,26% para as proporções de 10, 20 e 40%, respectivamente). Este resultado, aliado à alta estimativa de herdabilidade obtida para a AC evidencia que ganhos expressivos podem ser obtidos com a seleção para este caráter na fase considerada. O caráter BRIX, por outro lado, foi o que apresentou o menor AGE (7,39, 6,13 e 4,18% para as proporções de 10, 20 e 40% respectivamente), apesar de ter apresentado considerável estimativa de herdabilidade. Isto se deve, então, à menor variabilidade genética observada para esse caráter.

Na fase T2, com exceção da TBH, TCH e PE, dentre os demais caracteres avaliados, o NCM foi o que mostrou as maiores taxas de AGE, as quais variaram de 21,53 a 41,37%. Como observado na fase T1, o BRIX foi o caráter de menor AGE, o qual variou de 3,02 a 4,89%.

Tabela 4. Correlações genotípicas entre quatro caracteres avaliados na primeira fase de seleção (fase T1) e oito caracteres avaliados na segunda fase (fase T2), considerando 130 genótipos. Viçosa, 2006.

FASE T1	CARACTERES ⁽¹⁾	FASE T2 ⁽²⁾								
		AC(m)	BRIX(%)	DIA(cm)	NCM	PMC(kg)	PE(kg)	TBH(t)	TCH(t)	
	AC		0,5016**	0,0206	0,1061	0,0588	0,2417**	0,1654	0,1762*	0,1817*
	BRIX		-0,0617	0,3172**	-0,2505**	0,2033**	-0,0942	0,085	0,1641	0,1205
	DIA		0,1312	-0,0435	0,4341**	0,0113	0,3388**	0,1881*	0,1377	0,1551
	NCM		0,0599	0,0588	-0,2054*	0,2158**	0,0838	0,1672	0,2535**	0,2485**

* Significativo ao nível de 5% e ** Significativo ao nível de 1%.

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de BRIX por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

(2) Média da primeira e segunda soca

Tabela 5. Médias genotípicas (m) e avanços genéticos esperados considerando três proporções de seleção (10, 20 e 40%) para três caracteres avaliados na primeira fase de seleção (fase T1) e oito caracteres avaliados na segunda fase (fase T2). Viçosa, 2006.

	Caracteres ⁽¹⁾	m	Avanço genético esperado		
			Proporção de seleção		
			10	20	40
			% de m		
FASE T1	AC(m)	2,51	17,52	13,53	9,26
	BRIX (%)	23,27	7,39	6,13	4,18
	DIA (cm)	2,76	14,40	10,93	7,50
FASE T2 ⁽²⁾	AC(m)	2,16	13,88	10,65	6,48
	BRIX (%)	19,23	4,89	4,06	3,02
	DIA (cm)	2,39	16,32	13,39	9,62
	NCM	9,78	41,37	32,68	21,53
	PMC (kg)	1,36	19,12	14,71	10,29
	PE (kg)	42,02	47,88	35,96	24,01
	TBH (t)	25,43	48,13	38,46	27,21
	TCH (t)	130,37	49,49	38,19	26,81

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo; PE: produção estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de BRIX por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

(2) Média da primeira e segunda soca

As porcentagens de coincidência (PC) dos genótipos selecionados em três proporções de seleo (10, 20 e 40%) na fase T1 que apresentaram melhor desempenho na fase T2 podem ser observadas na Tabela 6. Considerando os caracteres avaliados em ambas as fases (AC, BRIX, DIA E NC), observa-se que nas três proporções de seleo o DIA e a AC foram os que apresentaram as maiores PCs, variando de 46,15 a 63,46 para DIA e de 46,15 a 57,69 para AC. Estes resultados indicam que na fase T1 a eficiência de seleo de genótipos superiores é maior para estes dois caracteres.

Ao se considerar as PCs dos genótipos selecionados para os caracteres avaliados na fase T1 e os genótipos de melhor desempenho quanto ao caráter TBH na fase T2 observa-se que o DIA e a AC, juntamente com o NCM foram os caracteres que apresentaram os maiores valores.

Estes resultados evidenciam que na fase T1 a seleo de genótipos com base nestes três caracteres pode contribuir para uma maior proporo de genótipos superiores quanto ao caráter TBH na fase T2.

Na Tabela 7 são apresentados 26 genótipos superiores quanto ao valor genotípico predito para TBH na fase T2. Dentre estes, os genótipos RB987620, RB987572 e RB987561 foram os que apresentaram os maiores valores (46,09, 40,22 e 38,57 toneladas, respectivamente).

CONCLUSÕES

Genótipos que não apresentarem na fase T1 pelo menos cinco colmos na touceira devem ser descartados, mesmo quando os demais caracteres considerados são favoráveis.

Tabela 6. Porcentagens de coincidência (PCs) dos genótipos selecionados em três proporções de seleo, na primeira fase (T1) e os genótipos de melhor desempenho na média dos cortes da segunda fase (T2) de seleo. Viçosa, 2006.

Fase T1	CARÁCTERES ⁽¹⁾	P(%)	Fase T2 ⁽²⁾							
			AC(m)	BRIX(%)	DIA(cm)	NCM	PMC(kg)	PE(kg)	TBH(t)	TCH(t)
	AC	10	46,15	0,00	7,69	15,38	15,38	23,08	15,38	15,38
		20	53,85	23,08	19,23	26,92	26,92	30,77	34,62	30,77
		40	57,69	42,31	36,54	36,54	44,23	42,31	40,38	44,23
	BRIX	10	0,00	23,08	0,00	7,69	7,69	7,69	0,00	0,00
		20	19,23	30,77	7,69	19,23	15,38	23,08	19,23	19,23
		40	36,54	57,69	28,85	46,15	34,62	44,23	46,15	42,31
	DIA	10	23,08	7,69	53,85	0,00	38,46	30,77	30,77	30,77
		20	15,38	19,23	46,15	23,08	38,46	23,08	26,92	30,77
		40	50,00	32,69	63,46	36,54	53,85	46,15	48,08	50,00
	NCM	10	15,38	0,00	23,08	15,38	23,08	23,08	23,08	23,08
		20	15,38	11,54	11,54	26,92	19,23	26,92	26,92	26,92
		40	40,38	42,31	30,77	48,08	40,38	38,46	42,31	40,38

P(%) = Proporo de seleo

(1) AC: altura de colmos; DIA: diâmetro de colmos; NCM: número de colmos por metro; PMC: peso médio do colmo; PE: produo estimada de colmos por parcela; TBH: toneladas de BRIX por hectare; TCH: toneladas de colmos por hectare.

(2) Média da primeira e segunda soca

Tabela 7. Valores genotípicos ($\mu + g$) preditos pelo procedimento REML/BLUP do "software" SELEGEN de 26 genótipos superiores quanto ao caráter toneladas de BRIX por hectare (TBH) avaliado na segunda fase de seleo (T2). Viçosa, 2006.

GENÓTIPO	TBH ^(*)	GENÓTIPO	TBH
RB987620	46,09	RB987554	33,52
RB987572	40,22	RB987623	33,40
RB987561	38,57	RB987602	33,18
RB987608	38,09	RB987674	32,85
RB987567	37,80	RB987582	32,77
RB987570	37,51	RB987659	32,74
RB987667	37,43	RB987575	32,67
RB987666	37,16	RB987625	32,37
RB987509	35,75	RB987544	32,30
RB987591	34,40	RB987673	32,23
RB987612	33,97	RB987671	32,09
RB987645	33,81	RB987534	31,94
RB987511	33,71	RB987537	31,85

* Média da primeira e segunda soca

Dentre os caracteres avaliados na fase T1, a altura do colmo (AC) e o diâmetro do colmo (DIA) foram os que se mostraram mais promissores a serem considerados na seleção de genótipos para a fase de seleção subsequente (T2).

A produção estimada de colmos (PE) apresentou alta correlação com o caráter toneladas de colmos por hectare (TCH) na fase T2, constituindo-se em uma alternativa de seleção indireta para produtividade de colmos.

Dentre os clones avaliados na fase T2, RB987620, RB987572 e RB987561 foram os que apresentaram os maiores valores genotípicos preditos quanto ao caráter TBH, segundo o modelo REM/BLUP utilizado.

AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, FAPEMIG, RIDESA e usinas e destilarias de Minas Gerais pelo suporte financeiro ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de Viçosa.

REFERÊNCIAS

- Bressiani JA (1993) Herdabilidade e repetibilidade dos componentes da produção na cultura da cana-de-açúcar. Dissertação de mestrado. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". 68p.
- Bressiani JA (2001) Seleção seqüencial em cana-de-açúcar. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Piracicaba, SP: USP, Escola superior de Agricultura Luiz de Queiroz. 134p.
- Cox MC, Hogarth DM, Smith G (2000) Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Eds.) Manual of cane growing, Bureau of sugar experiment stations. 436p.
- Chang YS, Milligan SB (1992) Estimating the potencial of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. *Theoretical and Applied Genetics* 84:662-671.
- Cruz CD (2004) Programa GENES – Versão Windows – Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 648p.
- Cuenya MI, Erazzú LE, Garcia MB, Chavanne ER, Romero CD & Mariotti JA (1999) Eficiencia de la seleccion en los modelos tradicional y modificado del programa de mejoramiento genetico de la caña de azucar de Tucuman (EEAOC – INTA). Etapas I y II de selección. *Revista Industrial Agrícola de Tucumán*, 76:10-14.
- Ferreira DF (2000) Análises estatísticas por meio do Sisvar para Windows versão 4.0. In: 45ª Reunião da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria, São Carlos. Anais, Universidade Federal de São Carlos. p.255-258.
- Hogarth DM, Cox MC, Bull JK (1997) Sugarcane improvement: Past achievements and future prospects. In: *Crop improvement for the century*. p.29-56.
- Kimbeng CA, Cox MC (2003) Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. *Journal American Society of Sugarcane Technologists*. 23:20-39.
- Mariotti JA (1968) Estudio estadístico en las poblaciones derivadas de cinco cruzamientos en caña de azúcar. *Revista Industrial y Agrícola de Tucumán* 45:95-151.
- Mariotti JA (1973) Experiências de selection clonal em caña de azúcar en la provincia de Jujuy. II – Repetibilidad y heredabilidad de caracteres de interesse agrônomico. *Revista Agro. N. O. Argentina* 10:61-73.
- Matsuoka S, Garcia AAF & Arizono H (2005) Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. p. 225-274.
- Resende MDV (2002a) Software Selegen–REML/BLUP. Curitiba, EMBRAPA. 67p. (Documentos 77).
- Resende MDV (2002b) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: EMBRAPA (Informação Tecnológica). 975p.
- Resende MDV, Barbosa MHP (2006) Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 41:421-429.
- Skinner JC, Hogarth DM, Wu KK (1987) Selection methods, criteria, and indices. In: HEINZ, D.J. (ed.). *Sugarcane improvement through breeding*. Amsterdam: Elsevier. p.409-453.