

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**  
**MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS**

**ROBSON DA SILVA RAMOS**

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE *SACCHARUM SPP.* PARA OBTENÇÃO DE**  
**CANA ENERGIA**

**RECIFE**

**2021**

**ROBSON DA SILVA RAMOS**

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE *SACCHARUM SPP.* PARA OBTENÇÃO  
DE CANA ENERGIA**

Tese apresentada a Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, para obtenção do título de Doutor em Agronomia (Melhoramento Genético de Plantas).

**COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:**

Profa. DSc. Gheysa Coelho Silva - Orientadora – UFRPE

DSc. Djalma Euzébio Simões Neto - Coorientador – EECAC/UFRPE

Prof. DSc. Tercílio Calsa Junior - Coorientador – UFPE

**RECIFE**

**2021**

---

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Sistema Integrado de Bibliotecas  
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

R175s Ramos, Robson da Silva Ramos  
SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE SACCHARUM SPP. PARA OBTENÇÃO DE CANA ENERGIA /  
Robson da Silva Ramos Ramos. - 2021.  
126 f. : il.

Orientadora: Gheysa Coelho .  
Coorientador: Djalma Euzebio Simoes Neto e Tercilio Calsa .  
Inclui referências e apêndice(s).

Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Agronomia  
Melhoramento Genético de Plantas, Recife, 2021.

1. biomassa. 2. REML/BLUP. 3. modelos mistos. I. , Gheysa Coelho, orient. II. , Djalma Euzebio Simoes Neto e  
Tercilio Calsa, coorient. III. Título

CDD 581.15

---

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE *SACCHARUM SPP.* PARA OBTENÇÃO DE  
CANA ENERGIA**

**ROBSON DA SILVA RAMOS**

Tese defendida e aprovada pela Banca Examinadora em: 26/02/2021.

**ORIENTADORA:**

---

Profa. DSc. Gheysa Coelho Silva - UFRPE

**EXAMINADORES:**

---

---

---

---

**RECIFE**

**2021**

## **EPÍGRAFE**

**O amor me carrega**

**à lugares que o conhecimento**

**nunca irá alcançar.**

**Robson da Silva Ramos**

## OFEREÇO

Aos meus pais Antônio Gonçalves Ramos (*in memoriam*) e Iracema José da Silva Ramos, minha eterna gratidão por lutar incondicionalmente por sua família, pelo amor, carinho, broncas, incentivo a busca de conhecimento e melhorias dos padrões éticos morais.

## AGRADECIMENTOS

Ao Soberano Senhor Jeová e ao seu amado filho Jesus Cristo por unir os meus pais, permitindo que se constituísse essa família que eu amo tanto. Aos meus pais Antônio Gonçalves Ramos (*in memoriam*) e Iracema José da Silva Ramos por serem tão maravilhosos. Por dedicarem suas vidas aos seus filhos. Pela oportunidade de crescer com uma formação sólida em uma família estruturada, que vivencia cada momento de nossas vidas na íntegra.

Aos meus irmãos Ralph da Silva Ramos, Romulo da Silva Ramos e Raquel da Silva Ramos por me aguentarem toda a vida dividindo muitas dores e alegria. Por ajudarem os meus pais a me criarem e principalmente por serem pessoas íntegras, deixando excelente exemplos de vida, superação e moral.

A todos os meus familiares que sempre me acolheram, dando aquela força e amor. Serei sempre grato! Em especial a minha tia Irene José da Silva e aos meus primos Mateus Fairbancks e Geison Ferreira.

A Camilla Buarque e toda sua família pelo companheirismo, amor, carinho e incentivos nessa jornada. Agradeço por compartilharem comigo cada emoção!

A minha orientadora Gheysa Coelho Silva e aos membros da banca examinadora Djalma Euzébio, José Nildo Tabosa, Luiz Sérgio e Pedro Henrique pelas fundamentais contribuições e recomendações.

Ao meu coordenador, conselheiro, padrinho e amigo Djalma Euzébio Simões Neto por contribuir plenamente na minha formação. Pelo exemplo de vida. Por estar junto em todos os momentos. Pela a honra de seus ensinamentos e principalmente por ser um pai para mim.

Aos amigos da EECAC que me conhecem desde que nasci. Em especial a Suzana Menezes e Andrea Chaves que trazem conforto com o seu carinho, me acolhendo como a um filho. Sempre ajudando a organizar os meus pensamentos e por se preocupar comigo e com toda a minha família. Vocês são pessoas iluminadas.

Aos vizinhos e queridos amigos Ana Carla Felipe Grama e Silva, Francisco Grama e Silva, Severina Felipe Grama e Silva, Luiz Carlos Felipe Grama e Silva e Merivaldo pelo carinho e apoio.

Aos queridos Fabian Santana e Raquel Querén-Hapuque pela acolhida, pelas palavras de afago e ferro sempre que preciso. Vocês foram fundamentais em minha formação e construção. Minha eterna gratidão!

A toda família Barros (Danilo, Daniele e Deiziana) e ao meu compadre Felipe Dias. Obrigado por tudo!

Aos amigos que sempre estão juntos no dia a dia, meu irmão Álvaro Eugênio, Lamonier Ramos, João Albuquerque, Fabian Santana, Elder Velez, Leonam José, Amaro Epifânio, Anderson Michel, Moacir Lucas, José Carlos Adelino, José Sandro Soares Pereira, Dinho, Luiz Tavares, Eduardo Montenegro, Eduardo Oliveira, Climário, ao Velho Zoir, Joel Junior (Jumba), Diogo Duque, Rafael Guilherme, Rafael de Oliveira, Natiana Oliveira, Sumara Melo, Andréa Chaves, Ismael Gaião, Paulo Rocha, Walber Douglas, Morgana Kelly, Rosana Lima, Kleber, Clayton Souza, Almir Seabra, meu irmão Júlio Cesar, Edson Luna, Mery Lemos, Juliano Holanda, Jackeline Holanda, Ester Lemos, Eduardo Canela, Glauce Patrício, Indira Macedo e a tantos outros amigos e parentes que me são caros.

Aos Amigos da Faculdade Salesiana, grandes companheiros nas batalhas Romulo, Diego, Simone, Dani, Heidi, Jairo, Thamilles, Rafael, Cris e todos os demais. Em especial aos professores Alexandre Libânio, Dilma Aguiar e Fatima Carvalho.

A CAPES pela concessão da Bolsa e aos professores da UFRPE pelos seus ensinamentos, pela compreensão e por nos terem a honra da amizade.

A todos os pesquisadores que me serviram de referência para as pesquisas.

## LISTA DE TABELAS

Páginas

### CAPÍTULO II

<b>Tabela 1.</b> Identificação dos cruzamentos de cana realizados para avaliação de famílias de cana energia.....	67
<b>Tabela 2.</b> Identificação dos cruzamentos de cana realizados para avaliação de famílias de cana energia.....	69
<b>Tabela 3.</b> Resultado da análise de variância das médias da fertilidade das cariopses das 27 famílias avaliadas e a herdabilidade do caráter.....	71
<b>Tabela 4.</b> Agrupamento dos valores médios da fertilidade das cariopses (%) dos cruzamentos avaliados de acordo com o teste de Scott e Knott (1974).....	71
<b>Tabela 5.</b> Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável número de plantas conduzidas pelo método SA.....	73
<b>Tabela 6.</b> Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott (1974), para os valores médios do número de plantas do método SA.....	73
<b>Tabela 7.</b> Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável altura das plantas conduzidas pelo método SA.....	74
<b>Tabela 8.</b> Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott (1974), para os valores médios da altura de plantas (cm) conduzidas pelo método SA.....	75
<b>Tabela 9.</b> Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável número de plantas conduzidas pelo método convencional.....	76
<b>Tabela 10.</b> Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott (1974) para os valores médios do número de plantas pelo método convencional.....	77
<b>Tabela 11.</b> Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável altura de plantas conduzidas pelo método clássico.....	78
<b>Tabela 12.</b> Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott	

(1974), para os valores médios da altura de plantas (cm) conduzidas pelo método clássico.....	79
<b>Tabela 13.</b> Resumo da análise conjunta de variância para a variável altura de plantas conduzidas pelos métodos clássico e SA de condução de populações segregante.....	80
<b>Tabela 14.</b> Comparação dos valores médios da altura de plantas conduzidas pelos métodos clássico e SA pelo teste de Tukey (1953) a 5% de probabilidade.....	80
<b>Tabela 15.</b> Resultado da análise de variância conjunta das médias da mortalidade dos indivíduos dentro das 19 famílias avaliadas pelos métodos clássico e SA.....	81
<b>CAPÍTULO III</b>	
<b>Tabela 1.</b> Identificação dos cruzamentos de cana realizados para avaliação de famílias de cana energia.....	93
<b>Tabela 2.</b> Análise REML do experimento 1 (Método Clássico) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).....	98
<b>Tabela 3.</b> Estimativas dos componentes de variância via modelos lineares mistos REML/BLUP (REML/GLS) do experimento 1 (Método Clássico) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).....	99
<b>Tabela 4.</b> Valor genotípico da média BLUP de 19 famílias e duas variedades do experimento 1 (Método Clássico) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).....	101
<b>Tabela 5.</b> Correlações genotípicas entre as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC); sólidos solúveis totais (BRIX); massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH) do experimento 1 – método clássico.....	104
<b>Tabela 6.</b> Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis sólidos solúveis totais (BRIX) e FIBRA%.....	106

<b>Tabela 7.</b> Médias fenotípicas e predição dos valores genotípicos BLUP para variável fibra%.....	107
<b>Tabela 8.</b> Número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias ( $n_k$ ) via métodos BLUPIS e BLUP-Seq para variável FIBRA.....	108
<b>Tabela 9.</b> Análise REML do experimento 2 (método SA) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).....	110
<b>Tabela 10.</b> Estimativas dos componentes de variância via modelos lineares mistos REML/BLUP (REML/GLS) do experimento 2 (método SA) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).....	111
<b>Tabela 11.</b> Valor genotípico da média BLUP de 19 famílias e duas variedades do experimento 2 (método SA) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média do colmo (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).....	113
<b>Tabela 12.</b> Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC); sólidos solúveis totais (BRIX); massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH) do experimento 2 – método seleção antecipada.....	115
<b>Tabela 13.</b> Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis sólidos solúveis totais (BRIX) e FIBRA% pelo método de seleção antecipada.....	116
<b>Tabela 14.</b> Análise de variância dos dados fenotípicos da variável fibra%.....	116
<b>Tabela 15.</b> Médias fenotípicas e predição dos valores genotípicos BLUP para variável fibra%....	117
<b>Tabela 16.</b> Número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias ( $n_k$ ) via métodos BLUPIS e BLUP-Seq para variável FIBRA.....	118

## LISTA DE SIGLAS

⊗ – Autofecundação;

% – Percentual;

%G – Percentual de Germinação;

\* – Significativo a 1% de probabilidade;

\*\* – Significativo a 5% de probabilidade;

$\hat{\sigma}_{\text{parc}}^2$  – Variância na Parcela;

$\hat{\sigma}_x$  – Variância de X;

$\hat{\sigma}_y$  – Variância de Y;

$\hat{\sigma}_g^2$  – Variância Genotípica;

$\hat{g}_j$  – Valor genotípico da melhor família;

$\hat{g}_k$  – Valor genotípico ( $\hat{g}$ ) da família ( $k$ );

$n_j$  – Número de indivíduos selecionados na melhor família;

$n_k$  – Número de indivíduos ( $n$ ) indicados para seleção em cada família ( $k$ );

$h_g^2$  – Herdabilidade individual no sentido amplo;

$h_{mc}^2$  – Herdabilidade média de genótipo;

' – Segundos;

'' – Minutos;

° – Graus;

a – Área ocupada por cada indivíduo ou conjunto de 10 indivíduos;

A – Número de clones selecionados no método de seleção antecipada ou em uma época de seleção;

ANNEEL – Agência Nacional de Energia Elétrica;

AR – Açúcares Redutores;

As – Clima tropical com estação seca;

ATR – Açúcares Totais Recuperáveis;

BAG – Bancos Ativos de Germoplasma;

BLUP – *Best Linear Unbiased Predictor*;

BLUPIS – BLUP Individual Simulado;

BLUP–Seq – BLUP Sequencial;

BP – Biparentais;

BRIX – Sólidos Solúveis Totais;

C – Cruzamento;

C – Número de clones selecionados nos dois métodos de seleção ou nas duas épocas de seleção ou o número de clones selecionados por acaso;

$C^2_{\text{parc}}$  – Coeficiente de determinação;

CH<sup>4</sup> – Metano;

cm – Centímetros;

CM – Curva de Maturação;

cm<sup>-3</sup> – Centímetros cúbicos;

CO<sub>2</sub> – Dióxido de Carbono;

Conab – Companhia Nacional de Abastecimento;

COV (x, y) – Covariância (X, Y);

CTC – Centro de Tecnologia Canavieira;

CV – Coeficiente de variação;

CV – Competição Varietal;

CV<sub>e%</sub> – Coeficiente de variação residual;

CVEC – Competição Varietal em Épocas de Corte;

CV<sub>gi%</sub> – Coeficiente de variação genotípica;

CV<sub>r</sub> – Coeficiente de variação relativa (CV<sub>gi</sub>/ CV<sub>e%</sub>);

d – Densidade específica do colmo;

DAP – Dias Após o Plantio;

DAS – Dias Após o Semeio;

DBA – Delineamento de Blocos Aumentados;

DBC – Delineamento de Blocos Casualizados;

DMC – Diâmetro Médio do Colmo;

EECAC – Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina;

EFCD – Estação de Floração e Cruzamento de Devaneio;

EMC – Estatura Média do Colmo;

Epe – Empresa de Pesquisa Energética;

ES – Eficiência de Seleção;

F – Família;

F x T – Interação Família x Tempo;

FE – Fase de Experimentação;

FIB – Fibra %;

FM – Fase de Multiplicação;

FMA – Fase de Multiplicação Ampliada;

*g* – Efeito genotípico;

*g* – Gramas;

*g + u* – Efeito Genotípico e Ambiental;

IAC – Instituto Agrônômico de Campinas;

Kg – Quilogramas;

KWh – quilowatts-hora;

m – Metros;

M – Mortalidade;

M – Número de Progênes Seleccionadas;

m<sup>2</sup> – Metros Quadrados;

MAPA – Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento;

mm – Milímetros;

MMC – Massa Média da Cana;

MPE – Cruzamentos Múltiplos Especiais;

MS – Massa Seca;

MW – Megawatts;

n – Número de Pares (X e Y);

NC – Número de colmos;

ns – Não Significativo;

°C – Graus Celsius;

$p < 0,05$  – 5% de Probabilidade pelo teste F;

PBU – Peso do Bolo Úmido;

PCC – Pol% Corrigido;

PE – Pernambuco;

PET – Politereftalato de Etileno;

PL – Polinização Livre;

PMGCA – Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar;

POL – % Massa de Sacarose Aparente;

Pp – Coeficiente de Correlação de Pearson;

PRBIO – Paraná Bioenergia;

Ps – Coeficiente de Correlação Spearman;

PZA – Pureza;

RAS – Regras para Análise de Sementes;

REML – *Restricted Maximum Likelihood*;

REML/GLS – *Restricted Maximum Likelihood / Generalized Least Squares*;

RIDESA – Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético;

S – Sul;

S<sub>1</sub> – Progênes obtidas do primeiro ciclo de Autofecundação;

SA – Seleção Antecipada;

SAC – Seleção Antecipada de Colmos;

SE / CO – Submercados Sudeste / Centro–Oeste;

SQ – *Seedlings* Qualificados;

SSS – Sistema Simplificado de Seleção;

SVA – Seleção Visual Antecipada;

T – Tempo;

t – Teste t;

t.ha<sup>-1</sup> – Toneladas de Cana por Hectare;

T1 – Primeira Fase de Seleção;

T2 – Segunda Fase de Seleção;

T3 – Terceira Fase de Seleção;

TATR – Toneladas de ATR por Hectare;

TCH – Toneladas de Cana por Hectare;

TFH – Toneladas de Fibra por Hectare;

TPH – Toneladas de Pol por Hectare;

UFAL – Universidade Federal de Alagoas;

UFRPE – Universidade Federal Rural de Pernambuco;

Única – União da Indústria de Cana-de-açúcar;

W – West;

$\pi$  – Valor Adimensional Aproximado de 3,141593.

## SUMÁRIO

CAPÍTULO I - Introdução geral e revisão de literatura .....	18
Resumo.....	19
Abstract .....	20
1. Introdução .....	22
2. Revisão de literatura.....	24
2.1 Censo da cultura da cana-de-açúcar.....	24
2.2 Classificação botânica da cana-de-açúcar.....	25
2.3 Origem e domesticação.....	26
2.4 Evolução, aspectos botânicos e melhoramento genético da cana-de-açúcar .....	26
2.4.1 Biologia floral e hibridações .....	29
2.4.2 Etapas da fase de seleção em diferentes métodos de melhoramento genético da cana-de-açúcar .....	31
2.4.2.1 Obtenção de <i>seedlings</i> .....	32
2.4.2.2 Plantio do T1 convencional e do T1 colmo pelos métodos SSS e SA.....	35
2.4.2.2.1 Plantio de mudas individualizadas e agrupadas .....	35
2.4.2.3 Plantio do T2, T3 E FM .....	36
2.4.3 Etapas da fase de experimentação.....	37
2.4.4 Melhoramento para obtenção de biomassa .....	37
2.5 Tecnologia de transformação da biomassa em biocombustíveis .....	42
2.6 Seleção de famílias e indivíduos via modelos mistos .....	46
2.7 Estudos de correlação e índice de coincidência .....	50
2.8 Variáveis alvo .....	51
3. Referências Bibliográficas .....	52
CAPITULO II - Efficiency in obtaining <i>Saccharum spp.</i> seedlings in energy cane families ....	61
Resumo.....	62
Abstract .....	63
Introdução .....	64
Material e Métodos .....	67
Resultados e Discussões.....	70
Conclusões .....	82
Referências Bibliográficas .....	82
CAPÍTULO III - SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE <i>SACCHARUM SPP.</i> PARA OBTENÇÃO DE CANA ENERGIA POR DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO – UMA ABORDAGEM GENOTÍPICA.....	86
Resumo.....	87
Abstract .....	88
Introdução .....	89
Material e Métodos .....	92

Resultados e Discussões.....	97
Conclusões .....	119
Referências Bibliográficas .....	120
Considerações Finais.....	125

## **CAPÍTULO I**

---

### **INTRODUÇÃO GERAL E REVISÃO DE LITERATURA**

## Resumo

A biomassa da cana-de-açúcar tem ganhado atenção pela sua versatilidade em usos como matéria prima e é vista como fonte sustentável de energia, destacando-se a geração de energia pela queima do bagaço e o etanol combustível, que juntos representam 17,5% da energia consumida no Brasil. A biomassa da cana-de-açúcar é apontada como uma das mais rentáveis para geração de energia elétrica, possibilitando a redução da utilização de combustíveis fósseis e, conseqüentemente, a diminuição da emissão de gases geradores do efeito estufa. Entretanto, o desenvolvimento de variedades de cana-energia, ainda não tem alcance em larga escala pelos grandes programas de melhoramento e, conseqüentemente, pelos produtores. Diante dessa realidade, objetivou-se identificar as melhores famílias e otimizar a seleção de clones de cana-energia. Foram realizados 27 cruzamentos, sendo 8 biparentais, 10 policruzamentos e 9 autofecundações. Foram realizados estudos de comparação entre métodos e obtenção, plantio e condução de *seedlings*. Foram estimados – a partir dos componentes principais de produção e das características agroindustriais – os valores genotípicos e os parâmetros genéticos das famílias, utilizando como ferramenta genético-estatística as metodologias de modelos mistos REML/BLUPIS e BLUP-seq. Também foram desenvolvidos estudos de correlação pelos métodos de Spearman e Pearson, e as estimativas do índice de coincidência de Hamblin e Zimmermann para verifica a eficiência da seleção antecipada. Foi verificado que: o caráter altura das plantas pode ser utilizado como parâmetro para seleção antecipada das melhores famílias ainda na fase de produção de *seedlings*; conduzir populações pelo método clássico favorece o crescimento e maior uniformidade das plantas; no método Seleção Antecipado as plantas são mais vulneráveis à competição por espaço, água, luz e nutrientes. Porém, permite maior aproveitamento de área, das sementes e maior exploração da variabilidade genética; os policruzamentos com os genitores femininos IN 84-58 (C14) e PRBIO 371 (C13), bem como os cruzamentos biparentais PRBIO 353 x PRBIO 273 (C8) e PRBIO 264 x PRBIO 182 (C7) são os mais indicados entre os estudados para novas campanhas de cruzamentos de cana-energia. A seleção indireta antecipada para elevação dos teores de fibra via teor de sólidos solúveis não se

mostra eficiente; houve pouca diferença entre a expressão genotípica das variáveis avaliadas nos métodos clássico e a seleção antecipada; houve pouca diferença entre a expressão genotípica das famílias avaliadas entre os métodos clássico e a seleção antecipada; há indicativo de maiores ganhos genéticos pela seleção prévia de famílias e posterior seleção individual;

o planto agrupado dos *seedlings* no método de seleção antecipada favorece a seleção de maior quantitativo de indivíduos dentro das famílias no mesmo espaço físico; as famílias C1, C2, C4, C5, C7, C10, C12, C15 e C16 são as mais indicadas para seleção genotípica para elevação dos teores de fibra; os acessos Co285, PRBIO150, PRBIO163, PRBIO215, PRBIO221, PRBIO273, PRBIO298, PRBIO353, PRBIO371 e PRBIO392 são os mais indicados para seleção genotípica para elevação dos teores de fibra, podendo ter suas combinações repetidas e/ou recombinadas entre si.

**Palavras chave:** biomassa, REML/BLUP, modelos mistos.

### **Abstract**

Sugarcane biomass has gained attention due to its versatility in uses and is seen as a sustainable source of energy, highlighting the generation of energy by burning sugarcane bagasse and fuel ethanol, which together represent 17.5% of the energy consumed in Brazil. Sugarcane biomass is considered one of the most profitable for generating electricity, reducing the use of fossil fuels and the emission of greenhouse gases. However, the development of varieties of energy cane has not yet reached large scale by producers and large improvement programs. Given this reality, the objective of this work was to identify the best combinations of parents and optimize the process of early selection of energy cane clones and select clones with high fiber contents to introduce them into the active germplasm bank. Twenty-seven crossings were performed, nine of which were biparental, nine were crossroads and nine were self-made. Comparison studies were carried out between methods and obtaining, planting and conducting seedlings. Genotypic values and variance components of families and individuals were estimated from the main production components and

agro-industrial characteristics, using the mixed model methodologies REML / BLUPIS and BLUP-seq as a genetic-statistical tool. Correlation studies were also developed using the Spearman and Pearson methods, and the Hamblin and Zimmermann coincidence index estimates to verify the efficiency of early selection. It was verified that: the height of the plants can be used as a parameter for early selection of the best families still in the seedlings production phase; conducting populations by the classical method favors the growth and greater uniformity of the plants; in the SA method, plants are more vulnerable to competition for space, water, light and nutrients. However, it allows greater use of area, seeds and greater exploitation of genetic variability; the crossroads with the female parents IN 84-58 (C14) and PRBIO 371 (C13), as well as the two-parent crossings PRBIO 353 x PRBIO 273 (C8) and PRBIO 264 x PRBIO 182 (C7) are the most indicated among those studied for new sugarcane crossing campaigns. The indirect selection to increase the fiber contents via soluble solids content is not efficient; there was little difference between the genotypic expression of the variables evaluated in the classical methods and the advance selection; there was little difference between the genotypic expression of the families evaluated between the classic methods and the advance selection; there is an indication of greater genetic gains from the previous selection of families and subsequent individual selection; the grouped planting of seedlings in the advance selection method favors the selection of a larger number of individuals within families in the same physical space; the C1, C2, C4, C5, C7, C10, C12, C15 and C16 families are the most suitable for genotypic selection to increase fiber levels; the accessions Co285, PRBIO150, PRBIO163, PRBIO215, PRBIO221, PRBIO273, PRBIO298, PRBIO353, PRBIO371 and PRBIO392 are the most suitable for genotypic selection to increase fiber levels, and may have their combinations repeated and / or recombined among themselves.

**Key words:** biomass, REML / BLUP, mixed models.

## 1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma espécie de ciclo semiperene cultivada em diversos países e é, reconhecidamente, uma das culturas mais importantes para o agronegócio mundial, sendo utilizada como matéria prima para as indústrias de biocombustíveis, químicas, alimentícias, energias renováveis, entre outras.

O Brasil é o maior produtor mundial da cana-de-açúcar, com estimativa de produção de 665,1 milhões de toneladas, 29,8 bilhões de litros de etanol e 41,8 milhões de toneladas de açúcar na safra 2020/2021 (Conab 2020). O estado de Pernambuco ocupa a oitava posição no rank nacional, com estimativa de produção de 12.314,3 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, 912,8 mil toneladas de açúcar e 347,492 milhões de litros de etanol.

O cultivo da cana-de-açúcar foi impulsionado através do melhoramento genético, associado com outras técnicas e tecnologias, que visam a verticalização da produção de modo sustentável. Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar realizam cruzamentos planejados nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG), os quais são situados em regiões que apresentam condições ambientais favoráveis ao seu florescimento e a realização dos cruzamentos artificiais, obtendo-se as cariopses (Melloni 2012, Simões Neto et al. 2005).

A partir das cariopses são produzidos os *seedlings*, que ingressam nos ciclos de seleção, multiplicação, experimentação e validação. Os genótipos que se mostram superiores às variedades mais cultivadas, após todas as etapas, são liberados para a produção comercial. Entretanto, o desenvolvimento de uma nova variedade leva em média de 14 a 15 anos, o que demanda muitos recursos financeiros além do tempo dispendioso (Simões Neto et al. 2005).

É primordial o investimento constante em novas metodologias que possam favorecer certa redução de tempo até a liberação de uma nova cultivar. Com esse objetivo foi desenvolvido o Sistema Simplificado de Seleção (SSS) e o método tapetinho (Melo 2014, RIDESA 2013). Tais métodos proporcionaram a redução dos custos logísticos e de mão-de-obra para o plantio da primeira fase de seleção (T1) e a otimização da produção de *seedlings*.

O Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), ligado à Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), coordenado e desenvolvido pela Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC), está trabalhando em novas propostas que visam atender a demanda supracitada. Entre os métodos em desenvolvimento, o método de Seleção Antecipada (SA) que será discutido no presente trabalho.

Sabe-se que, tradicionalmente, os métodos de melhoramento genético da cana-de-açúcar objetivam desenvolver variedades com alto teor de sacarose e elevada produtividade agrícola, além de melhorias de aspectos fitossanitários e de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Contudo, observa-se que o uso da cana-de-açúcar como fonte de biomassa para produção de etanol de segunda geração e de bioeletricidade apresenta alta viabilidade econômica (Oliveira et al. 2011). Assim, os programas de melhoramento genético têm buscado genótipos com potencial para produção de biomassa, ou seja, com alto teor de fibra (lignina, celulose e hemicelulose), direcionando as pesquisas para obtenção de dois tipos de canas, o tipo I (açúcar e fibra) e tipo II (principalmente fibra).

Diante do exposto, objetiva-se com o presente trabalho introduzir o método de seleção antecipada para seleção de famílias e clones de *Saccharum spp.*, com a finalidade de produzir biomassa (cana-energia); comparar o desenvolvimento fenológico das plantas e das famílias de *Saccharum spp.*, conduzidas pelos métodos clássico e seleção antecipada; selecionar as melhores progênies na fase inicial do melhoramento visando à obtenção de cana-energia para compor o banco de germoplasma; estimar os componentes genéticos das famílias e indivíduos avaliados; avaliar componentes de produção da biomassa (agroindustriais e biométricos) para selecionar as melhores famílias e indivíduos de *Saccharum spp.*

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Censo da cultura da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é cultivada em mais de 130 países que se distribuem entre as latitudes 35° N e S, servindo de matéria prima para a indústria alimentícia, indústria química, indústria de combustíveis renováveis, de produção de energia, entre outras (Figueiredo 2010). A cadeia do agronegócio da cana-de-açúcar e de seus derivados é importante para a economia mundial, envolvendo as indústrias de máquinas, implementos e de insumos agrícolas, além de participar na geração de empregos diretos e indiretos (Fao 2013).

A área cultivada com a cana-de-açúcar ultrapassou em 2014 25 milhões de hectares no mundo. Os principais países produtores são: Brasil, Índia, China, Tailândia, Paquistão, México, Colômbia, Filipinas, Estados Unidos da América, Indonésia, Austrália, Guatemala, Argentina, Vietnã, África do Sul, Egito, Cuba, Peru, República da União de Myanmar, Bolívia e Venezuela (Fao 2014).

A área cultivada com cana-de-açúcar no Brasil, na safra 2019/2020, foi de aproximadamente 8.442 milhões de hectares. Os maiores estados em áreas cultivadas são: São Paulo (4.302,2 mil hectares), Goiás (4.302,2 mil hectares), Minas Gerais (820,6 mil hectares), Mato Grosso do Sul (661,0 mil hectares), Paraná (531,0 mil hectares), Alagoas (292,0 mil hectares), Pernambuco (237,3 mil hectares) e Mato Grosso (215,6 mil hectares) (Conab 2020).

Nesta última safra, a produção foi de 642.717,8 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, com produtividade média de 76.133 t.ha<sup>-1</sup>. As maiores produções, com suas respectivas produtividades, foram observadas nos Estados de São Paulo (342.614,3 milhões de ton. e 79.636 t.ha<sup>-1</sup>), Goiás (75.273,7 milhões de ton. e 79.798 t.ha<sup>-1</sup>), Minas Gerais (68.699,8 milhões de ton. e 83.724 t.ha<sup>-1</sup>), Mato Grosso do Sul (47.515,0 milhões de ton. e 71.889 t.ha<sup>-1</sup>), Paraná (34.352,6 milhões de ton. e 64.697 t.ha<sup>-1</sup>), Mato Grosso (17.657,7 milhões de ton. e 81.889 t.ha<sup>-1</sup>), Alagoas (17.439,5 milhões de ton. e 59.718 t.ha<sup>-1</sup>) e Pernambuco, que ocupa o oitavo lugar no *ranking* nacional com 12.519,6 milhões de toneladas moídas e produtividade de 52.768 t.ha<sup>-1</sup>. Vale salientar que a Bahia, apesar ser

o decimo maior produtor nacional, com 4.105,0 milhões de toneladas colhidas em 47,0 mil hectares, apresenta a maior produtividade agrícola nacional (87.377 t.ha<sup>-1</sup>) (Conab 2020).

O Brasil é o maior produtor e exportador de açúcar do mundo, com produção de 29.795,7 milhões de toneladas na safra 2019/2020 (Conab 2020). A exportação é destinada principalmente aos mercados europeus e norte-americanos. O Brasil obteve aumento significativo na produção de açúcar em virtude da maior destinação de açúcar total recuperável (ATR), no Norte/Nordeste, e a elevação da produção de cana-de-açúcar, no Centro/Sul.

A produção de etanol na safra 2019/2020 foi de 35.643.303,8 bilhões de litros, sendo 1.641.686,0 bilhões de litros produzidos a partir do milho (4,61%) e 34.001.617,8 bilhões de litros produzidos a partir de cana-de-açúcar, o equivalente a aproximadamente 95,39% da produção total (Conab 2020).

O etanol combustível ganhou espaço no mercado nacional devido ao aumento da concentração de álcool na gasolina, que passou de 25% para 27,5%. Além disso, o aumento da produção da cana-de-açúcar, bem como à melhoria da qualidade da matéria-prima, que permitiu a elevação de ATR por tonelada de cana-de-açúcar, associado aos baixos preços verificados nas cotações do açúcar favoreceram que o País obtivesse, na safra 2019/2020, a maior produção de etanol da história do setor sucroenergético nacional (Conab 2020).

A cana-de-açúcar também é muito importante para a matriz energética do Brasil devido a notável participação do etanol combustível e da cogeração de energia a partir da queima do bagaço, que quando somados representam 17,5% de toda energia gerada no país (Epe 2019).

## **2.2 Classificação botânica da cana-de-açúcar**

A cana-de-açúcar possui a seguinte classificação botânica: divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, subclasse Commelinidae, ordem Cyperales, família Poaceae, tribo Andropogonae e subtribo Saccharininae (Cronquist 1981).

Inicialmente se acreditava que no gênero *Saccharum* existiam as espécies *S. officinarum* L., *S. spontaneum* L., *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl, e *S. sanguineum* Grassl (Grassl 1977).

Posteriormente, foi constatado que o gênero *Saccharum* tem seis espécies: *S. officinarum* L., *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl, *S. barberi* Jeswiet, *S. sinensis* Roxb., *S. spontaneum* L. e *S. edule* Hassk (Matsuoka et al. 2005).

Além das espécies supracitadas, existem também espécies heterotípicas do gênero *Saccharum* nativas do Brasil, são elas *S. angustifolium* (Nees) Trin, *S. asperum* (Nees) Steud e *S. villosum* Steud, totalizando nove espécies (Welker 2012).

### **2.3 Origem e domesticação**

A cana-de-açúcar é originária da Ásia, mais especificamente na região do Golfo da Bengala e Nova Guiné, onde teve início a sua domesticação. Posteriormente, os persas, chineses e árabes expandiram o seu cultivo (Figueiredo 2010, Mozambani et al. 2006).

A partir da Nova Guiné, a cana-de-açúcar foi progressivamente levada para o Sul da Ásia, Java, Filipinas, Norte da África e Sul da Europa, onde foi cultivada às margens do Mar Mediterrâneo. Entretanto, a baixa adaptação da cultura às condições climáticas da Europa incentivou os espanhóis à introduzirem a cana-de-açúcar nas Ilhas Canárias, enquanto os portugueses introduziram na Ilha da Madeira – de onde foi levada por Cristóvão Colombo para a cidade de Santo Domingo, na República Dominicana – e subsequentemente para Cuba e outras Ilhas do Caribe (Mozambani et al. 2006).

Variedades da cana-de-açúcar oriundas da Ilha da Madeira foram introduzidas no Brasil por Martim Afonso de Souza, as quais foram cultivadas na Capitania de São Vicente, atual Estado de São Paulo. Posteriormente, Duarte Coelho as introduziu na Capitania de Pernambuco, que se tornou o maior produtor do país. Subsequentemente, o cultivo da cana-de-açúcar foi propagado para outras Capitanias (Figueiredo 2010).

### **2.4 Evolução, aspectos botânicos e melhoramento genético da cana-de-açúcar**

A cana-de-açúcar evoluiu a partir de hibridações intergenéricas entre os seguintes gêneros: *Saccharum*, *Erianthus*, *Eccoilopus*, *Mistanthidium*, *Miscanthus*, *Ripidium*, *Sclerostachya*, *Sorghum* e *Zea* (James 1980). As espécies *S. sinensis*, *S. barberi*, *S. edule* e *S. officinarum* foram geradas por

meio de hibridação intergenéricas, esta última surgiu a partir de cruzamentos entre *S. spontaneum*, *Miscanthus spp.*, *Erianthus arundinaceus* e *S. robustum*. Houve também hibridações interespecíficas entre as espécies *S. officinarum* L., *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl, *S. barberi* Jeswiet, *S. sinensis* Roxb. e *S. spontaneum* (Matsuoka et al. 2005). Até o final do século XIX, a maioria das variedades comerciais de cana-de-açúcar foi obtida a partir de cruzamentos entre *S. officinarum*, *S. barberi* e *S. sinensis* (Daniels and Roach 1987, Grassl 1977, Matsuoka et al. 2005, Simmonds 1976).

No melhoramento genético da cana-de-açúcar, a espécie que mais contribuiu para a constituição genética dos híbridos foi *S. officinarum* ( $2n = 80$ ). A espécie *S. officinarum* contribuiu para a elevação da concentração de açúcar no colmo da cana-de-açúcar (Brown 1969). Esta espécie apresenta colmos grandes, suculentos, com alto teor de açúcar, suscetibilidade a doenças e baixo vigor. Variedades de *S. officinarum* foram cultivadas comercialmente por séculos, até que, no final do século XIX, os trabalhos de hibridação começaram (James 1980). Os primeiros híbridos introduzidos no Brasil foram: Co 290, Co 331, Co 419 – desenvolvidos na Índia pelo *Sugarcane Breeding Institute*, Coimbatore (Co) – e POJ 2878 – desenvolvida no *East-Java Sugar Research Institute, Proefstation Oost-Java* (POJ) na Indonésia (Andrade 1985, Landell and Bressiani 2008).

As espécies *S. spontaneum* ( $2n = 40-128$ ), *S. Sinense* ( $2n = 118$ ) e *S. Barberi* ( $2n = 82-124$ ) têm colmos finos, com alto teor de fibras e baixo conteúdo de açúcar. Porém, apresentam resistência a doenças, alto vigor e tolerância ao frio, características que são importantes para o melhoramento. Genótipos de *S. robustum* ( $2n = 60-194$ ) têm colmos muito grandes, baixo teor de açúcar, queda natural das folhas na maturidade e capacidade de adaptação a diferentes condições de umidade. A espécie *S. edule* não participou da constituição genética dos híbridos interespecíficos de cana-de-açúcar (*S. híbridos*), pois, trata-se de uma espécie autógama (Mozambani et al. 2006, Scarpari and Beauclair 2010). Cerca de 10% do genoma das variedades cultivadas é oriundo de *S. spontaneum*. Sua participação nos híbridos é responsável pela resistência a pragas, doenças e estresse hídrico (James 1980).

As espécies *S. officinarum*, *S. robustum*, *S. barberi*, *S. sinensis* e *S. spontaneum* foram de fundamental importância para o melhoramento genético, pois serviram de base genética para os primeiros cruzamentos planejados (Matsuoka et al. 2005). As primeiras hibridações artificiais da cana-de-açúcar foram realizadas em Java, no ano de 1889, seguido de Barbados. Gradativamente outros países passaram a empregar esta tecnologia na cultura (Bremer 1923, Deerr 1949). No Brasil, os primeiros relatos sobre obtenção de variedades a partir de sementes botânicas foram registrados no Estado de Pernambuco em 1901, no Rio de Janeiro em 1918 e no Estado de São Paulo em 1930 (Aguirre Junior 1936, D'utra and Bolliger 1904).

Destacaram-se no Brasil os programas de melhoramento da cana-de-açúcar da Estação Experimental Canavieira de Campos de Goytacazes (variedades Campos Brasil – CB); do Instituto Agrônomo de Campinas (variedades IAC), o mais antigo em atividade; da Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo – COPERSUCAR (variedades SP); do Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (PLANALSUCAR) do Instituto do Álcool (IAA), desenvolvendo as variedades República do Brasil (RB); e o da CanaVialis (variedades CV) (Cursi et al. 2021).

O Programa da COPERSUCAR foi encerrado em 2003 e, no ano seguinte, passou a ser administrado pelo Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) (variedades do CTC), o qual permanece em atividade. O programa do IAA / PLANALSUCAR foi encerrado em 1990 e todas as suas estruturas físicas, bem como os recursos humanos e tecnológicos foram transferidos para as universidades federais, dando origem a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético. Integram a RIDESA as seguintes universidades: Universidade Federal de Alagoas (UFAL), Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), Universidade Federal do Paraná (UFPR), Universidade Federal de Sergipe (UFS), Universidade Federal de Goiás (UFG), Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT) e Universidade Federal do Piauí (UFPI) (Cursi et al. 2021).

O programa de melhoramento genético da BioVertis / GranBio, criado em 2011, busca desenvolver variedades com altos teores de biomassas, baixo custo de produção, alta eficiência energética e alta adaptabilidade e estabilidade, em especial para cultivo em ambientes restritivos, além de caracteres fitossanitários (Cursi et al. 2021).

#### **2.4.1 Biologia floral e hibridações**

O entendimento da biologia floral e das condições ambientais é fundamental para a realização das hibridações na cana-de-açúcar. A cana-de-açúcar tem inflorescências no formato piramidal com flores hermafroditas. Cada flor apresenta na sua estrutura fisiológica, dois pistilos com estigmas plumosos vermelhos ou roxos e androceu com três estames, cada um sustentando uma antera (Scarpari and Beauclair 2010).

Para florescer, a cana-de-açúcar depende de condições climáticas ideais de temperatura, fotoperíodo e umidade, sendo considerada uma espécie fotossensível-indutora (Scarpari and Beauclair 2010, Torrecilla et al. 2010). As condições ideais para a emissão da inflorescência são: temperaturas entre 18 e 32°C, fotoperíodo variando de 12 horas e 30 min a 12 horas e 55 min e umidade relativa acima de 67% (Araldi et al. 2010, Berding 1981, Melloni 2012).

O florescimento é subdividido em quatro etapas: a primeira etapa é a diferenciação do meristema apical, que deixa de produzir folhas e passa a formar o pedúnculo floral; a segunda etapa consiste na transformação da gema apical em inflorescência; a terceira etapa é o alongamento da bainha da folha bandeira, período conhecido como indução; e a quarta etapa é a emissão da inflorescência (Casagrande 1991). O período de indução é importante para determinar o sincronismo floral entre genitores utilizados, principalmente, em cruzamentos biparentais (BP), além das autofecundações e cruzamentos múltiplos especiais.

Após a emissão da inflorescência, a planta entra no período de maturação dos órgãos reprodutivos. Apesar da cana-de-açúcar ter flores hermafroditas, há baixo sincronismo entre a dispersão do pólen e receptividade dos estigmas, induzindo predominantemente a polinização cruzada, alogamia (Amaral et al. 2012).

A polinização consiste no transporte do grão de pólen da antera da planta doadora para o estigma da planta receptora. Ao cair no estigma, o grão de pólen fica retido por substâncias mucilaginosas produzidas pelas papilas estigmáticas, onde germina. A germinação do pólen é a formação do tubo polínico, que cresce através do estilete até chegar ao ovário, onde atinge as sinérgides e libera os núcleos espermáticos, os quais se fundem com o núcleo polar e fecunda a oosfera. Após a fecundação ocorre a formação da cariopse (Casagrande 1991, Scarpari and Beauclair 2010).

A exploração da variabilidade genética – disponível nos bancos ativos de germoplasma (BAG) da cana-de-açúcar – é realizada por meio de cruzamentos artificiais planejados. Os produtos de tais cruzamentos são as cariopses, a partir das quais são produzidos os *seedlings* que ingressão nos ciclos de seleção, multiplicação, experimentação e validação, até a liberação da nova variedade de cana-de-açúcar para produção comercial (Simões-Neto et al. 2005). As principais metodologias utilizadas para realização de hibridações de *Saccharum* no Brasil são: cruzamentos múltiplos (MP) ou policruzamento – nos quais a polinização ocorre aleatoriamente (polinização livre - PL) e é possível identificar apenas o genitor feminino, ou seja, são produzidas populações de meios-irmãos; cruzamentos múltiplos especiais (MPE) – nos quais o genitor feminino é identificado, sendo geralmente macho estéril ou emasculados para evitar autofecundação, e alocado em campânula junto com um grupo de bons genitores masculinos, também produzindo populações de meios-irmãos; autofecundações – nas quais o genitor feminino é identificado e isolado em campânula para evitar fecundação cruzada, gerando progênies de autofecundação ( $S_1$ ); e cruzamentos biparentais (BP) – nos quais os genitores masculinos e femininos são identificados e isolados em campânula para evitar contaminação por pólen. Através deste método é possível explorar melhor a variabilidade genética e o máximo da heterose (Cesnik and Miocque 2004).

## **2.4.2 Etapas da fase de seleção em diferentes métodos de melhoramento genético da cana-de-açúcar**

Diversos trabalhos já foram publicados mostrando as metodologias adotadas pelo programa de melhoramento da cana-de-açúcar da RIDESA, os quais apresentam pequenas diferenças a depender da Universidade que o conduz (Barbosa and Silveira 2000, Barbosa et al. 2005, Barbosa and Silveira 2010, Carneiro et al. 2011, Daros et al 2010, Melo et al. 2014, Silveira et al. 2012, Simões-Neto et al. 2005).

No método clássico de seleção, conduzido pelo PMGCA da UFRPE/RIDESA, ocorrem as seguintes etapas: primeira fase de seleção (T1), segunda fase de seleção (T2), terceira fase de seleção (T3), Fase de Multiplicação (FM), Fase de Multiplicação Ampliada (FMA), Fase de Experimentação e Fase de Validação (Simões-Neto et al. 2005).

Os experimentos da fase de seleção são conduzidos sem delineamento experimental bem definido, podendo também ser aplicado o delineamento de blocos aumentados, sendo a seleção feita pelo método massal, escolhendo-se os melhores indivíduos se baseando na avaliação visual de caracteres morfoagronômicos, tais como: número, altura e diâmetro do colmo, teor de sólidos solúveis (°BRIX), hábito de crescimento, florescimento, entre outros, não sendo comum a estimativa do peso médio do colmo e aplicação de análises estatísticas.

Por sua vez, no método SSS, ocorrem as seguintes etapas: T1 colmo, T2, T3 e FM, podendo haver ou não a fase FMA, a depender do volume de cana-semente propagada. Todos os experimentos da fase de seleção são conduzidos sob delineamento de blocos casualizados (DBC) ou em delineamento de blocos aumentados (DBA), a depender do volume de material produzido e da coincidência entre as famílias avaliadas nos diversos ambientes (Melo 2014). Geralmente, adota-se o DBC para as análises individuais e o DBA para a análise conjunta dos experimentos da fase de seleção (Brasileiro 2013).

O método SA utiliza da mesma sequência de etapas que o método SSS, entretanto, as formas de produção de *seedlings*, plantio e avaliação são diferenciados, conforme apresentado a seguir.

### 2.4.2.1 Obtenção de *seedlings*

Seja por meio do método clássico ou através do método SSS, a população base para seleção de novos genótipos de cana-de-açúcar é composta de *seedlings* produzidos por meio de sementes botânicas (cariopses), as quais são obtidas através de cruzamentos genéticos (Cesnik and Miocque 2004). Contudo, as densidades populacionais trabalhadas entre os dois métodos são diferentes.

No método clássico, 3,0 gramas de sementes são semeadas em caixas plásticas (40 x 30 x 15cm) contendo substrato (composto de torta de filtro e cinza de caldeira com proporção 3:1); 30 dias após a germinação é promovida a repicagem, deixando-se apenas 35 *seedlings* por caixa; as plântulas passam 90 dias em aclimatação e, posteriormente, são direcionadas para a primeira fase de seleção (T1) (Simões-Neto et al. 2005).

A seleção do T1 convencional é realizada dos 10 aos 12 meses no estádio de cana-soca, ou seja, no segundo ciclo de cultivo. Argumenta-se que as diferenças entre os genótipos não são atestadas com segurança em cana-planta, pois, as plântulas são obtidas por meio de sementes botânicas, as quais são muito vulneráveis as variações do ambiente, bem como pode mascarar o potencial genotípico por ser comparado com variedades (padrão) oriundas de propagação vegetativa, o que proporciona maior vigor que as obtidas por cariopses. Além disso, a seleção em cana-soca permite que os genótipos sejam submetidos à seleção natural para o carácter capacidade de rebrota (Lascano and Mariotti 1970).

Já no método SSS, são semeadas cinco amostras de 0,6 gramas de cariopse em caixas plásticas (40 x 30 x 15 cm) contendo substrato (composto de torta de filtro e cinza de caldeira com proporção 3:1); vinte dias após o semeio, as caixas são transferidas para o estaleiro na área externa da casa de vegetação, visando a melhor aclimatação; as populações são mantidas adensadas durante 90 dias após semeio, momento no qual se realiza a primeira seleção visual antecipada (SVA) (Melo 2014).

A SVA consiste em selecionar os melhores indivíduos por família de forma massal com base no desenvolvimento da planta, denominando-os de *seedlings* qualificados (SQ). Os SQ são transplantados para garrafas de politereftalato de etileno (PET), contendo o mesmo substrato. As

plantas transplantadas para as garrafas PET são distribuídas no campo e espaçadas entre linhas em um metro e meio. No início e final de cada linha são plantados, sob o mesmo sistema, os cultivares para efeito de comparação (Melo 2014).

Aos 180 dias de cultivo em PET as plantas já apresentam colmos formados. Nesse momento é realizada a segunda seleção visual, denominada de seleção antecipada de colmos (SAC), selecionando-se os melhores indivíduos e direcionando-os para o T1, o qual recebe a denominação T1 colmo. A mudança no nome ocorre porque no “T1 colmo” o plantio é feito diretamente com os colmos, ou seja, por propagação vegetativa, não sendo mais plantados os *seedlings* como no T1 convencional (Melo 2014).

Tais mudanças proporcionaram a redução dos custos logísticos e de mão-de-obra para o plantio da primeira fase de seleção (T1 colmo), além de aumentar significativamente a quantidade de “cana-semente” produzida nas fases iniciais de seleção e de permitir/otimizar a seleção do T1 em cana-planta, ou seja, no primeiro ciclo de cultivo, favorecendo a redução do tempo até a liberação de novas variedades (Melo 2014).

No método Seleção Antecipada – SA que está sendo proposto, realizam-se testes de germinação das cariopses *in vitro* e *in situ*. Para tal, no laboratório, as sementes são homogeneizadas para retirada da amostra de trabalho. A homogeneização é feita de forma manual, conforme descrito nas Regras para Análise de Sementes (RAS) do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) (Brasil 1992). Também é realizada a determinação da pureza física, peso de mil sementes, umidade e, por fim, os testes de germinação.

Os testes de germinação no laboratório são feitos pelo semeio em germinador de 4 amostras de 100 cariopses puras e outras 4 amostras de 25 cariopses nuas, ou seja, apenas as sementes botânicas sem as glumas, lemas, páleas e línter. A estimativa do percentual de germinação é feita aos 5 DAS e novamente aos 10 DAS, fechando a amostra.

Por sua vez, para os testes de germinação em casa de vegetação, 4 amostras de 0,5 g de cariopses não selecionadas são semeadas em caixas plásticas (40 x 30 x 15 cm), contendo substrato

(composto de torta de filtro e cinza de caldeira com proporção 3:1) (Ramos et al. 2019). Para estimar o percentual de germinação (%G), considera-se que em 2g de cariopses não selecionadas é possível se obter 1152 *seedlings* (Cabral 2007). Logo, em 0,5g é possível se obter 288 *seedlings*, aproximadamente.

Posteriormente, os dados dos testes *in vitro* e *in situ* são correlacionados e os quantitativos de sementes a serem semeadas são determinados e corrigidos para que todas as famílias apresentem a mesma quantidade de indivíduos, ajustando a densidade populacional em 2 *seedlings* por cm<sup>2</sup> por família. O percentual de germinação também é utilizado para descartar ou refazer cruzamentos no banco de germoplasma.

Após os testes de germinação, em casa de vegetação, é promovido o semeio definitivo de quatro amostras de cariopse por família em caixas plásticas (40 x 30 x 15 cm), contendo substrato (composto de torta de filtro e cinza de caldeira com proporção 3:1), utilizando os valores obtidos dos testes de germinação para uniformizar o número de indivíduos por família; quinze dias após o semeio, as caixas são transferidas para o estaleiro na área externa da casa de vegetação, visando melhor aclimatação; 30 dias após o semeio (DAS) as plântulas são transferidas das caixas para o viveiro de mudas em grupos de 10 plântulas; as famílias são representadas por três repetições com oito touceiras cada, sendo os conjuntos de 10 plântulas distribuídos em dois sulcos de 3 metros com espaçamento de 1,15m entre sulcos e 1,0m entre touceiras; realiza-se a seleção negativa na SVA aos 90 após o transplântio, deixando apenas as três plantas mais qualificadas por touceira; realiza-se a seleção positiva na SAC aos 180 após o transplântio. Todos os colmos selecionados são direcionados para o T1 colmo.

Vale salientar que o efeito da competição entre as referidas plantas por espaço, água, luz e nutrientes pode ser um fator limitante ao desenvolvimento das plântulas, fator esse que, na literatura recente, ainda é pouco abordado.

#### **2.4.2.2 Plantio do T1 convencional e do T1 colmo pelos métodos SSS e SA**

O plantio do T1 convencional é realizado pelo PMGCA/EECAC/UFRPE/RIDESA da seguinte forma: os *seedlings* de cada família são distribuídos em ao menos dois sulcos de 10 metros, espaçados em 0,60 m, totalizando o mínimo de 36 indivíduos por famílias. Esse quantitativo de indivíduos por família pode variar indiscriminadamente para cima, mas, nunca menor que os valores supracitados (Simões-Neto et al. 2005). Salienta-se que o plantio do T1 convencional não segue necessariamente delineamento estatístico.

No método SSS, por sua vez, o T1 colmo é plantado sob delineamento de blocos casualizados. Cada parcela experimental é plantada com dez rebolos contendo uma gema, espaçados em 1,0 m entre touceiras e 0,25 m entre genótipos (Melo 2014).

Já no método SA proposto, os experimentos são plantados sob delineamento de blocos casualizados, porém, para a análise conjunta, os dados são arranjados em delineamento de blocos aumentados para seleção de famílias e indivíduos de *Saccharum spp.* (Brasileiro 2013). De cada genótipo, são plantados 12 rebolos de gema individual distribuídos em dois sulcos de 3 metros, com espaçamento de 0,6 metros entre touceiras e 1,15 m entre sulcos, com 3 repetições, totalizando 36 indivíduos.

##### **2.4.2.2.1 Plantio de mudas individualizadas e agrupadas**

A escolha entre realizar o plantio individual ou agrupado é influenciada, geralmente, pelo tipo e sistema de cruzamentos, bem como pelo volume de semente produzida. Opta-se pelo plantio em covas individuais, quando se dispõe de um pequeno quantitativo de sementes. Por sua vez, os principais motivos para a escolha do plantio agrupado são: limitações na disponibilidade de área para o plantio do T1 (Dinardo-Miranda et al. 2010, Mangelsdorf 1953, Urata 1969); quando se dispõe de grande número de indivíduos de cruzamentos não testados previamente (Ladd et al. 1974); redução dos custos com a seleção e o favorecimento da seleção de famílias (Dinardo-Miranda et al. 2010).

Por outro lado, o plantio agrupado apresenta os seguintes pontos negativos: necessita de 5 a 20 vezes mais *seedlings* que o plantio em cova individual (Dinardo-Miranda et al. 2010); inferioridade do desenvolvimento das plântulas em comparação com o plantio em cova individuais devido a competição entre elas (Skinner et al. 1987); baixa disponibilidade de mudas para o plantio da etapa seguinte de seleção (T2) (Dinardo-Miranda et al. 2010).

Para contornar a problemática da disponibilidade de cana-semente para o plantio do T2, os métodos SSS e SA utilizam o plantio de gemas individuais – obtidas dos *seedlings* qualificados (SQ) selecionados na fase de produção de mudas – no T1 colmo. Assim, favorece a formação de várias touceiras no T1 colmo e aumenta o quantitativo de cana-semente produzida.

A intensidade da seleção natural não se mostra diferente entre o plantio agrupado e o plantio individual (Dinardo-Miranda et al. 2010). Porém, enquanto no plantio em covas individuais a seleção natural atua sob o caráter capacidade de rebrota, no plantio agrupado, além da capacidade de rebrota, sua atuação ocorre sob a capacidade de resistir a competição e o desenvolvimento dos *seedlings*, eliminando grande quantidade de indivíduos inferiores e evidenciando, ainda, as diferenças entre as famílias avaliadas (Skinner et al. 1987, Urata 1969).

#### **2.4.2.3 Plantio do T2, T3 E FM**

No melhoramento clássico e no método SSS, os experimentos T2, T3 e FM são plantados sob delineamento em blocos aumentados (DBA) ou blocos casualizados, a depender do volume de cana-semente produzida, ambos com duas ou três cultivares testemunhas. Cada parcela é constituída de dois sulcos de 5 metros no T2, 5 sulcos de 10 metros no T3 e 10 sulcos de 10 metros no FM (Simões-Neto et al. 2005).

O uso do DBA para condução de experimentos nas fases iniciais do melhoramento genético de *Saccharum spp.* tem se mostrado eficiente (Peternelli et al. 2009, Souza et al. 2006). Porém, é recomendado que os experimentos sejam conduzidos em blocos casualizados para análise individual, enquanto para proceder a análise conjunta, os dados podem ser arranjados em DBC,

caso todos os indivíduos selecionados nos diferentes ambientes coincidam ou em DBA caso não haja coincidência (Brasileiro 2013). Esse é esquema adotado pelo método SA.

### **2.4.3 Etapas da fase de experimentação**

A Fase de Experimentação é composta das seguintes etapas: Fase de Experimentação (FE), consistindo dos melhores indivíduos selecionados nas etapas finais da fase de seleção e multiplicação; Competição Varietal em Épocas de Corte com Curva de Maturação (CVEC+CM), constituídos dos melhores genótipos selecionados nos FE's; Competição Varietal com Curva de Maturação (CV+CM), constituídos dos melhores indivíduos selecionados dos diversos CVEC+CM, podendo também ser composto por genótipos que se destacaram nos programas de melhoramento conduzidos por outras universidades constituintes da RIDESA ou de programas parceiros e intercambiados (Simões-Neto et al. 2005).

Todos os experimentos da fase de experimentação são plantados sob DBC, normalmente com quatro repetições e a sua seleção se dá nas épocas definidas pela metodologia, mas sempre no final ciclo, variando de 12 a 18 meses no primeiro ciclo e 12 a 14 meses nos ciclos subsequentes.

O método SSS segue a mesma sequência e métodos de avaliação que o método clássico nas fases de experimentação. Por sua vez, o método SA aplica-se a seleção antecipada também na fase de experimentação (FE). Arbitrariamente, foi estabelecida a seleção aos 270 dias após o plantio (DAP). Entretanto, pode-se estimar a concordância da distribuição dos efeitos genéticos entre os dados obtidos na seleção antecipada e os dados obtidos no final do ciclo através da análise de correlação de Pearson ou Spearman (Ps) e da eficiência de seleção por índice de coincidência (Hamblin and Zimmermann 1986).

### **2.4.4 Melhoramento para obtenção de biomassa**

No atual contexto, países de todo o mundo buscam caminhos para diminuir as emissões de gases de efeito estufa, ampliar a oferta de energia limpa para atender à crescente demanda e, simultaneamente, diminuir o impacto ambiental da produção de energia. Em virtude da utilização irracional e da tendência natural de reservas de energia não-renováveis se esgotarem, é necessário

buscar, urgentemente, fontes renováveis de produção de energia menos poluidora. Note-se que a redução da dependência do petróleo deixa de ser uma simples questão econômica para se tornar uma questão estratégica, devendo cada país buscar formas de adequar a sua matriz energética aos recursos disponíveis no âmbito da produção de energias renováveis (Matsuoka et al. 2010).

O Brasil, mesmo possuindo uma das matrizes energéticas mais diversificadas e limpas do mundo – sendo as fontes renováveis responsáveis por 81,7% da oferta interna de eletricidade – tem investido fortemente em pesquisas que favoreçam o desenvolvimento e implementação de tais tecnologias (Epe 2017). Apesar disso, a crise energética ocorrida no Brasil em 2001 apontou desequilíbrio entre oferta e demanda de energia, forçando o Brasil a buscar, ainda mais, novos investimentos e oportunidades para atender o setor energético (Araújo 2001). Novamente em 2020, a crise energética sofrida no Norte do País evidenciou a necessidade de buscar soluções alternativas para o suprimento energético.

Neste contexto, o aproveitamento da energia contida na biomassa vegetal (bioenergia) torna-se uma das mais importantes alternativas para o enfrentamento dos problemas ligados à sustentabilidade e ao suprimento energético. A biomassa é apontada como das principais alternativas para a diversificação da matriz energética, bem como para diminuir o uso de combustíveis fósseis.

Toda matéria orgânica capaz de ser transformada em energia mecânica, térmica ou elétrica é classificada como biomassa (Epe 2017). A biomassa vegetal é base de 9,4% do total da capacidade de geração de energia elétrica instalada do Brasil (Epe 2017). A cana-de-açúcar se destaca como fontes de biomassa para produção de energia e representa 76,82% do total (Unica 2017).

A energia elétrica produzida a partir de produtos derivados da cana-de-açúcar já representa 17,5% da matriz energética nacional (Epe 2017). Assim, a queima do bagaço e da palha (materiais lignocelulósicos) da cana-de-açúcar que, por muito tempo foi considerada como um problema para o meio ambiente, torna-se uma das mais importantes alternativas para a solução dos problemas da matriz energética brasileira.

Os rendimentos na conversão do bagaço da cana-de-açúcar em energia indicam grande viabilidade econômica (Ensinas et al. 2007). A avaliação da viabilidade técnica e econômica de projetos de geração de energia elétrica a partir do bagaço, da palha e dos ponteiros da cana-de-açúcar apontou a sua biomassa como uma opção complementar à expansão do sistema elétrico brasileiro. O aumento na procura por biomassa da cana-de-açúcar para produção de energia elétrica está associado a alta viabilidade econômica, principalmente por apresentar elevado rendimento e o baixo custo de produção, sendo considerada uma das alternativas mais sustentáveis e competitiva economicamente em relação a outras culturas, como: capim napier, capim elefante, eucalipto, entre outras (Cardona et al. 2010, Dias et al. 2013).

É importante salientar que as técnicas de cultivo da cana-de-açúcar já estão dominadas, os parques industriais já se encontram montados e funcionando, destacando-se, ainda, que muitas usinas estão distribuídas pelas diversas regiões do país e já produzem energia elétrica a partir dos seus resíduos industriais (bagaço e restos culturais) (Dias et al. 2013).

A necessidade de aumentar significativamente a produção de etanol, sem aumentar a exploração das terras cultiváveis, nos leva à constatação de um novo padrão de produção de energia a partir da biomassa, em especial de resíduos lignocelulósicos (Benedetti et al. 2009). A perspectiva é bastante promissora. Somente através do melhoramento genético é possível desenvolver genótipos com potencial de produção de biomassa, ou seja, com alto teor de fibra (lignina, celulose e hemicelulose), capazes de atender à demanda dos produtores de energia.

Diante da necessidade de produzir biomassa para a produção de etanol e gerar eletricidade, desde a década de 70 programas de melhoramento genético em diversos países do mundo têm desenvolvido a cana-energia (*energy sugarcane* ou *bioenergy sugarcane*) com sucesso, tais como: Barbados, Cuba, Estados Unidos (Louisiana), Índia, China, África do Sul, Austrália, Tailândia, Japão, Ilhas Maurício, Ilhas Reunião e Brasil.

A ideia do aproveitamento da cana-de-açúcar como planta energética, além de fonte de sacarose, iniciou-se ao final da década de 70 nos EUA devido à crise do petróleo e do prenúncio de

mais problemas ambientais à frente (Alexander 1985, Bischoff et al. 2008). Demonstrou-se, àquela época, que, além da utilização para a produção de etanol combustível, como estava fazendo o Brasil, devia se olhar a cana-de-açúcar como planta produtora de biomassa, pois, até então, apenas o colmo era o alvo e, deste, apenas a sacarose (Alexander 1985).

Na Louisiana (EUA) e em Porto Rico ocorreram os primeiros trabalhos de melhoramento dirigidos para esse fim (Giamalva et al. 1984, Samuels et al. 1984). Esses programas sofreram descontinuidade. Recentemente, como foi renovado o interesse em biocombustíveis e em biomassa, os EUA retomaram as pesquisas para desenvolver a cana-energia (Bischoff et al. 2008).

No Brasil, o melhoramento genético para obtenção de cana-de-açúcar com alto teor de fibra e produção de biomassa foi inicialmente desenvolvido na Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp), na Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) e nas empresas Canavialis, Vignis e BioVertis / GranBio (Cursi et al. 2021).

Para se obter sucesso no programa de melhoramento genético é importante escolher bem os genótipos para serem inter cruzados. Estes precisam ser divergentes geneticamente, ter genes favoráveis à expressão de características de interesse ao mercado consumidor, conter alelos contrastantes e devem ser capazes de transmitir a sua porção herdável para próxima geração, expondo variabilidade genética para seleção de variedades superiores (Quintal 2013).

Programas de melhoramento na Austrália (Berding and Roach 1987), Barbados (Walker 1971), Índia (Panje 1971), Taiwan (Shang et al. 1968), Louisiana (Dunckelman and Breaux 1968, Legendre and Burner 1995) e no Havaí (Heinz 1965) utilizaram como base para introgressão de genes por meio de cruzamentos clones de *S. spontaneum*, buscando selecionar novos clones com maior tolerância a determinados estresses bióticos e abióticos, tendo como vantagem a geração de híbridos com maior produção de colmo e de biomassa (Berding and Roach 1987).

A literatura indica que a introgressão conduzida especificamente para se obter produção de biomassa (alto teor de fibra) teria sucesso muito maior, além de permitir a obtenção de material de valor comercial em tempo bem mais curto e com menor dispêndio de recurso (Alexander 1985,

Legendre and Burner 1995, Ming et al. 2006). A introgressão para *S. spontaneum* já é comprovadamente um caminho frutífero já que o alvo é a produção total de massa seca, predominantemente fibra (Matsuoka et al. 2010).

Em Barbados, onde um programa de introgressão para cana-energia vem sendo conduzido desde a década de 80, foram obtidos híbridos que, em termos de produtividade de massa seca (MS), apresentaram ganhos de 72% sobre uma variedade comercial convencional. Neste caso, a cana-energia não se presta para a produção de açúcar, pois apresenta baixa pureza (entre 70 e 73% contra 89%) (Seshagiri Rao et al. 2007).

No Brasil, o programa de introgressão iniciado pela empresa Canavialis, mesmo com resultado ainda preliminar, era promissor. Foram analisados os resultados para centenas de clones (F1) oriundos do cruzamento de *Saccharum spp.* com *S. spontaneum*. O número de colmos por metro linear variou de 35 a 40; os teores de fibras variaram de 15,35% a 19,90%, contra 12,05% da *Saccharum spp.*; a produtividade de colmos variou de 155 a 236 t.ha<sup>-1</sup>, bem maior que as 148 t.ha<sup>-1</sup> da variedade comercial (Matsuoka et al. 2010).

A Universidade Federal de Alagoas (UFAL), a Universidade Federal Rural de Pernambuco e a Universidade Federal do Paraná, através da RIDESA, também iniciaram estudos objetivando dois tipos de canas: tipo I (açúcar e fibra); tipo II (principalmente fibra). No entanto, ainda não foram concluídos. A classificação da cana-energia em tipo 1 e tipo 2 ainda é subjetiva. Entretanto, admite-se que a cana-energia é tipo 1, quando apresenta cerca de 15% de sacarose e 18% de fibra; e tipo 2, quando apresenta cerca de 6% de sacarose e 28% para fibra (Ulisses 2016).

A Vignis apresentou dois cultivares de cana-energia. O cultivar VIGNIS3 (tipo 1) apresentou produtividade de 221 t.h<sup>-1</sup>, 79 t.h<sup>-1</sup> de bagaço e 17,9% de fibra. O cultivar VG11283 (tipo 2) apresentou produtividade de 185 t.h<sup>-1</sup>, 96 t.h<sup>-1</sup> de bagaço e 26% de fibra (Mariano 2015).

A GranBio lançou em 2016/2017 dois cultivares de cana-energia, denominadas Vertex 1 e Vertex 2. A Vertex 1 apresentou média de teores de fibras de 27% e ART de 85 kg.ton<sup>-1</sup>. Já a vertex 2 apresentou média de teores de fibras de 23% e ART de 73 kg.ton<sup>-1</sup>. Apresentou também uma

relação de clones promissores que apresentaram de 25% a 31% de fibras e rendimento em ATR que variaram de 51 a 126 kg.ton<sup>-1</sup>.

Constata-se que a cana-de-açúcar possui uma ampla variabilidade genética com potencial para produção de biomassa, sendo apenas requerida a seleção das famílias e dos híbridos desejados. Por conseguinte, novas variedades com elevada produção de biomassa poderão ser desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético da lavoura canavieira. Salienta-se que é importante manter um programa de seleção recorrente no melhoramento genético da cana-de-açúcar. Assim, os melhores genótipos selecionados podem ser incluídos no banco ativo de germoplasma e participar de novas hibridações, objetivando alto teor de fibras.

## **2.5 Tecnologia de transformação da biomassa em biocombustíveis**

As técnicas utilizadas para transformar matéria-prima em fonte de energia dão origem a derivados específicos e estão em diferentes níveis tecnológicos. Nesse contexto, os principais processos de conversão de biomassa em fontes de energia são: combustão direta, termoquímica e biológica (Silva Ramos et al. 2019).

O uso da biomassa por combustão direta é a forma mais primitiva de geração de energia. A combustão da lenha gera energia que pode ser utilizada para aquecimento pessoal em campo aberto, para aquecimento doméstico e preparação de alimentos, entre outros. Devido aos avanços tecnológicos, além dos usos mencionados, a combustão de biomassa pode ser realizada em fogões (cozimento de alimentos), fornos (metalurgia) e caldeiras para geração de vapor. Note-se que a combustão pode ser feita com ou sem o uso de processos físicos de secagem, classificação, compressão, corte ou quebra (Silva Ramos et al. 2019).

A madeira, em suas diferentes formas, é muito importante para a matriz energética mundial, especialmente nos países em desenvolvimento (Brito 2007). No Brasil, a biomassa florestal responde por 8,4% do suprimento doméstico de eletricidade e a lenha por 6,6%.

No entanto, o processo de combustão direta da lenha apresenta baixa eficiência devido à sua alta umidade (cerca de 20% ou mais) e sua baixa densidade, dificultando o armazenamento e o transporte.

Outra fonte importante de biomassa agrícola é o bagaço de cana-de-açúcar, usado por combustão direta com processos físicos para produzir bioenergia. Em uma visão mais ampla, a biomassa ocupa a 4ª posição na matriz energética, representando 9% (14889 MW) da capacidade autorizada de geração de bioeletricidade no Brasil, que totaliza 169664 MW. Entre as fontes de biomassa, a cana-de-açúcar representa 77% (11424 MW) do total (Única 2019).

No Brasil, em 2018, a bioenergia produzida a partir da biomassa da cana-de-açúcar foi capaz de: suprir 11,4 milhões de domicílios ao longo do ano; evitar a emissão de 6,4 milhões de toneladas de dióxido de carbono (CO<sub>2</sub>), equivalente ao cultivo de 45 milhões de árvores nativas ao longo de 20 anos; economizar 15% da energia total armazenada nos reservatórios dos submercados Sudeste / Centro-Oeste (SE / CO), devido à maior previsibilidade e disponibilidade da bioeletricidade no período seco, com 83% da bioeletricidade produzida pelo setor sucroenergético oferecido à rede em período seco (Única 2019).

Em 2016, haviam 417 usinas termelétricas a partir de biomassa de cana-de-açúcar em operação. No entanto, devido à falta de incentivo e investimento público, apenas 90 unidades venderam o excedente para o sistema nacional, o que representou 5% do total consumido no país (Única 2017). Mesmo diante da crise econômica brasileira – que levou ao encerramento das atividades de várias unidades produtoras – ações de incentivo permitiram a manutenção de 369 usinas com termoelétrica de biomassa de cana-de-açúcar em 2018. Destas, 200 já comercializaram eletricidade (54%), enquanto 169 plantas produzem apenas para autoconsumo (46%) (Única 2019). Isso aumentou a representação energética do bagaço de cana-de-açúcar para 10,8% do consumo final de energia no Brasil (Epe 2019).

Os rendimentos na conversão do bagaço de cana em energia indicam grande viabilidade econômica, uma vez que, em média, são produzidos 240 kg a 250 kg de bagaço por tonelada de

cana triturada e 200 kg de palha e pontas (Ensinas 2007, Unica 2019). É possível produzir cerca de 120 quilowatts-hora (KWh) por tonelada de cana moída (Silveira 2014). A capacidade instantânea de geração de energia de todas as usinas de cana no Brasil é de aproximadamente 15.000 MW, equivalente a um pouco mais que a Usina Hidrelétrica de Itaipu, que possui capacidade instalada para produzir 14.000 MW e fornece aproximadamente 15% de toda a energia consumida no Brasil (Única 2017). Atualmente, a bioenergia total do bagaço de cana-de-açúcar produzida já é superior à capacidade instalada na Usina Hidrelétrica de Belo Monte (11.233,1 MW) (Única 2019).

Assim, a queima de bagaço de cana e palha (materiais lignocelulósicos), que por muito tempo foi considerado um problema para o meio ambiente, torna-se uma das alternativas mais importantes para solucionar os problemas da matriz energética.

Os processos termoquímicos utilizados são: gaseificação, pirólise, liquefação e transesterificação.

Pirólise ou carbonização é o processo mais antigo e mais simples de converter um combustível sólido (geralmente lenha) em um de melhor qualidade e conteúdo energético (carvão). Esse processo consiste em aquecer o material original entre 300°C e 500°C, na quase ausência de ar, até que o material volátil seja extraído.

O principal produto da pirólise é o carvão, além do alcatrão e do ácido pirolímico. O carvão vegetal é duas vezes mais denso e possui um valor calorífico maior que o material de origem. Assim, o carvão é responsável por 1,8% do consumo final de energia (Epe 2019).

A gaseificação é um processo termoquímico que possibilita transformar combustível sólido em gás. O gás produzido possui valor calorífico médio. É composto por monóxido de carbono, hidrogênio, metano, dióxido de carbono e nitrogênio e pode ser fornecido para motores de combustão interna e turbinas para geração de eletricidade (Annel 2008, Epe 2019).

A gaseificação é considerada um processo limpo de geração de biocombustível, pois a produção de gases remove produtos químicos nocivos ao meio ambiente e à saúde humana (Annel 2008, Epe 2019).

A transesterificação é caracterizada pela reação de óleos vegetais com o produto intermediário ativo obtido pela reação entre metanol ou etanol e uma base (hidróxido de sódio ou potássio), resultando em glicerina e biodiesel (Epe 2019).

O biodiesel é um combustível biodegradável alternativo ao diesel de petróleo, criado a partir de fontes de energia renováveis e livre de enxofre em sua composição. Devido à sua origem a partir de matérias-primas renováveis (basicamente álcool e óleo vegetal ou gordura animal), o biodiesel tem uma queima limpa, gerando menos poluentes que a combustão do diesel de petróleo.

No Brasil, o biodiesel é produzido predominantemente a partir de palma e babaçu na região norte, soja, girassol e amendoim nas regiões sul, sudeste e centro-oeste e mamona no semiárido nordestino, entre outras matérias-primas de origem vegetal (Anel 2008). Em 2018, aproximadamente 5.383.000 m<sup>3</sup> de biodiesel foram consumidos no país. De todo o biodiesel consumido em 2018, 3,7 bilhões de litros foram produzidos a partir de óleo de soja (Epe 2019).

Os processos biológicos mais comuns são a digestão e fermentação anaeróbica (Anel 2008). A digestão anaeróbica consiste na decomposição do material pela ação de bactérias e ocorre na ausência de ar, produzindo biogás, composto basicamente de metano (CH<sup>4</sup>) e dióxido de carbono (CO<sup>2</sup>).

A fermentação consiste na conversão de açúcares em álcool pela ação de leveduras. Os açúcares para a produção de álcool podem ser provenientes das seguintes culturas agrícolas: batata, milho, beterraba e cana-de-açúcar.

O produto da fermentação é o etanol na forma de álcool hidratado, com uma concentração de aproximadamente 95%. Outro produto de fermentação, porém, produzido em menor escala, é o álcool anidro, ou seja, um produto com menos de 1% de água. Enquanto o primeiro é amplamente utilizado como combustível puro em motores de combustão interna, o segundo é misturado na gasolina no Brasil, representando 27,5% do combustível.

Cabe ressaltar que os resíduos de fermentação são de grande importância para o setor sucroenergético. A vinhaça, produzida na proporção de aproximadamente 14 litros por litro de

etanol produzido, é considerada estratégica para a fertirrigação da cana. Os resíduos sólidos do processo de fermentação podem ser usados em usinas termelétricas para a produção de eletricidade.

Outro grande potencial para o uso de resíduos lignocelulósicos de cana, sorgo, milho, beterraba, entre outros, é a produção de etanol de segunda geração. O etanol de segunda geração é produzido após as seguintes etapas: pré-tratamento, hidrólise, fermentação e purificação. Apesar da abundância de matérias-primas, a realização de tais etapas, associadas à baixa eficiência do processo produtivo e ao alto custo de produção, quando comparados aos custos relacionados à produção convencional de etanol, tornam essa grande inovação ainda não economicamente atrativa para a indústria, investidor. Até 2025, acredita-se que o etanol de segunda geração seja economicamente viável e possa compor estrategicamente a matriz energética do Brasil.

Cabe destacar que o uso de biomassa, especialmente o da cana-de-açúcar, como fonte de energia, já é uma realidade bem estabelecida no país. Considerando a área já plantada com cana-de-açúcar hoje, estima-se que o Brasil tenha potencial para gerar 20GW de energia através da queima do bagaço de cana-de-açúcar, enquanto o uso dessa matéria-prima para a produção de etanol de segunda geração ainda é uma possibilidade para o país no futuro próximo, mesmo com plantas industriais “piloto” já em atividade. Existem vários desafios e dificuldades técnicas ainda a serem superados para que a produção de etanol de segunda geração seja economicamente viável no Brasil. Assim, a queima direta de biomassa para produção de energia é uma alternativa mais simples e mais eficiente para os produtores de cana-de-açúcar e tem sido uma maneira de reduzir a dependência de combustíveis fósseis na matriz energética do país (Silva Ramos et al. 2019).

## **2.6 Seleção de famílias e indivíduos via modelos mistos**

A seleção executada na fase T1 é a mais importante para o sucesso do programa de melhoramento, pois, nas fases subsequentes (T2, T3 e FM) não ocorre a inclusão de novos materiais genéticos no processo de seleção (Brasileiro 2013).

O método clássico de melhoramento genético da cana-de-açúcar utiliza, majoritariamente, da seleção massal em plantas individuais em suas fases iniciais, em especial na fase T1. Esse método

de seleção apresenta-se eficiente para seleção de caracteres de alta herdabilidade, tais como susceptibilidade, tolerância ou resistência a pragas, incidência e severidade de doenças, saliência da gema, florescimento, isoporização, hábito de crescimento, rachaduras, entre outros. Entretanto, apresenta baixa eficiência na seleção de caracteres que apresentam baixa herdabilidade, como a produtividade agroindustrial e a seleção de famílias, uma vez que existem limitações do ponto de vista operacional para a coleta dos dados das populações.

Apesar da seleção massal ser amplamente difundida e usual na fase de seleção dos programas de melhoramento genético, maiores ganhos seriam obtidos utilizando, inicialmente, a seleção de famílias e, subsequentemente, a seleção individual, principalmente para caracteres que apresentam baixa herdabilidade (Brasileiro 2013). Assim, diversos programas de melhoramento de *Saccharum spp.* e pesquisadores têm optado pela prévia seleção de famílias e posterior obtenção de clones (Bressiani 2005, Kimbeng and Barbosa and Cox 2003, Resende and Barbosa et al. 2005, Resende et al. 2006, Stringer et al. 2011).

As estratégias de seleção de indivíduos e de famílias de *Saccharum spp.* recomendam que os ensaios para seleção sejam realizados em bases experimentais localizadas em diferentes regiões produtoras. Por isso, uma das primeiras etapas para realização dos experimentos é a determinação do modelo estatístico para as fontes de variação avaliadas, os quais podem ser divididos em fixo (modelo I), aleatório (modelo II) ou misto (modelo III). O modelo será fixo, quando todos os parâmetros que constituem o modelo, com exceção do erro experimental, forem de efeito fixo. O modelo será aleatório, quando todos os parâmetros que constituem o modelo, com exceção da média, forem de efeito aleatório. Por sua vez, o modelo será misto, quando estiverem envolvidos parâmetros de efeitos fixo e aleatório (Ramalho et al. 2012).

Nos experimentos conduzidos em campo, o efeito da fonte de variação “Bloco” sempre será considerado aleatório, pois, são possíveis infinitos blocos em um local. Assim, o quantitativo de blocos utilizados em um experimento, representam uma amostra dos infinitos blocos possíveis. Em

consequência, os resultados obtidos possibilitam fazer inferências para aquela estação experimental ou local (Ramalho et al. 2012).

A decisão sobre se o efeito de “Local” será considerado fixo ou aleatório é mais subjetiva. Entretanto, em ensaios realizados em vários anos e em locais diferentes, os dados obtidos dos experimentos nos locais escolhidos devem representar uma região produtora ou mesmo um estado. Desta forma, o efeito de “Local” deverá ser considerado aleatório (Ramalho et al. 2012). Caso as condições edafoclimáticas do local, bem como as condições de manejo cultural não representem a realidade de uma região ou estado, o efeito de local deverá ser considerado fixo, sendo os resultados obtidos referentes apenas a condição local.

O efeito de “Anos” será considerado aleatório, quando as condições climáticas durante os vários anos de condução dos experimentos representarem o clima predominante na região. Caso contrário, deverá ser considerado fixo (Ramalho et al. 2012).

Já o efeito de famílias, linhagens, progênes ou cultivares dependerá de como o material envolvido no experimento foi obtido. O efeito de progênie será considerado aleatório, quando as progênes forem amostras de uma população e as informações obtidas puderem ser generalizadas para a população parental, representando, assim, a estimativa da variância genética entre os membros da população. Esse tipo de modelo é amplamente utilizado quando estão envolvidas características controladas por vários genes, permitindo estimar o valor genotípico dos genitores e/ou da população amostrada com base no desempenho de seus descendentes (Bernardo 2002, Borém and Miranda 2013, Ramalho et al. 2012). Entretanto, o efeito de progênie deverá ser considerado fixo, quando as progênes forem fruto da seleção para uma determinada característica, como cor, habito de crescimento, altura, diâmetro, entre outras, o que faz com que as informações obtidas não possam ser generalizadas para população (Ramalho et al. 2012).

Com relação a análise conjunta de experimentos, as fontes de variação deverão ser distribuídas seguindo o mesmo raciocínio. Assim, “Blocos” deverá ser considerado aleatório para representar o local; “Local” deverá ser considerado aleatório quando representar uma região ou estado;

“Progênie” deverá ser considerado como fixo, quando objetiva-se comparar e recomendar as melhores progênies; já o efeito da “interação genótipo x ambiente” deverá ser considerado aleatório, pois trata-se de um vetor multiplicativo que quantifica os efeitos entre as variáveis fixas e aleatórias (Cruz et al. 2012).

Tomando como referência o exposto acima, verifica-se que tais recomendações fazem com que os experimentos da fase de seleção e experimentação de *Saccharum spp.* sejam comumente de natureza mista. Assim, para avaliar os dados obtidos de populações que apresentam alta complexidade genética, como o complexo Saccharum, e algumas variáveis que possuem efeitos considerados fixos e outros aleatórios, independente da média e do erro, pode ser utilizada a teoria dos modelos mistos.

Destacam-se entre os procedimentos utilizados, via modelos mistos, para auxiliar no desenvolvimento de estudos em genética quantitativa e em seleção de plantas, os métodos *Restricted Maximum Likelihood* (REML) e *Best Linear Unbiased Predictor* (BLUP), REML/BLUP. Nos quais, os componentes de variância são estimados por meio da máxima verossimilhança restrita (REML), enquanto as predições dos valores genéticos são obtidas através da melhor predição linear não viesada (BLUP) (Resende 2002).

Por meio do BLUP, os valores fenotípicos são corrigidos para os efeitos ambientais e são ponderados pela herdabilidade do caráter, a qual também é estimada pelo procedimento. Os valores genotípicos preditos pelo método REML/BLUP, resultam em inferências mais precisas e acuradas, o que aumenta a eficiência dos programas de melhoramento genético (Resende 2002).

Algumas estratégias de seleção de famílias e indivíduos utilizando BLUP são descritas na literatura, entre elas destacam-se: o BLUP-Sequencial (BLUP-Seq) e o BLUP individual simulado (BLUPIS).

O BLUP-seq preconiza que a seleção deve ser realizada, primeiramente, a nível de família - selecionando-se 40% das famílias avaliadas - e, posteriormente, a nível de indivíduos - praticando a seleção individual apenas nas famílias previamente selecionadas. Nessa estratégia de seleção,

dividem-se as famílias que apresentam as maiores médias da seguinte forma: no primeiro e melhor grupo, selecionam-se 40% dos indivíduos de cada família; no segundo, terceiro e quarto grupo, selecionam-se 30%, 20% e 10% dos indivíduos de cada família, respectivamente (Stringer et al. 2011).

No método BLUPIS, primeiramente são selecionadas as famílias que apresentam valores genotípicos positivos, ou seja, acima da média geral. Posteriormente, são realizadas as simulações do número de indivíduos que serão selecionados em cada família – levando em consideração a relação entre os valores genotípicos das famílias e o número de indivíduo a ser selecionado na melhor família – conforme o modelo:  $n_k = (\hat{g}_k/\hat{g}_j)/n_j$  no qual:  $n_k$  é o número de indivíduos ( $n$ ) indicados para seleção em cada família ( $k$ );  $\hat{g}_k$  é o valor genotípico ( $\hat{g}$ ) da família ( $k$ );  $\hat{g}_j$  é o valor genotípico da melhor família e  $n_j$  é o número de indivíduos selecionados na melhor família (Resende and Barbosa 2006).

O BLUP-seq é o método que mais contribui com clones de maiores médias para TCH na seleção de T1 e para TPH na seleção de T2. O BLUPIS se mostra mais eficiente para seleção indireta via número de colmos. Já o método massa tem a menor contribuição devido a maior pressão de seleção, diminuindo as chances de selecionar os melhores genótipos (Brasileiro 2013).

## 2.7 Estudos de correlação e índice de coincidência

Os procedimentos mais utilizados para estimar a correlação linear entre variáveis são o Coeficiente de Correlação de Pearson ( $P_p$ ), utilizado quando se deseja quantificar o grau de associação entre pares de variáveis aleatórias contínuas X e Y, e o Coeficiente de Correlação de Spearman ( $P_s$ ) – método estatístico não paramétrico – que não exige atendimento as premissas da análise de variância, diferentemente do  $P_p$  (Dias and Barros 2009).

O coeficiente de correlação de Pearson ( $P_p$ ) é determinado pelo modelo:  $P_p = \frac{COV(x,y)}{\sqrt{(\hat{\sigma}_x \cdot \hat{\sigma}_y)}}$ , no qual:  $COV(x,y)$  é a covariância (X, Y);  $\hat{\sigma}_x$  é a variância de X; e  $\hat{\sigma}_y$  é a variância de Y. Posteriormente, para verificar a significância do coeficiente de correlação de Pearson aplica-se o teste t, seguindo o

modelo:  $t = \frac{P_p}{\sqrt{(1-P_p^2)}} \sqrt{(n-2)}$ , onde: n é o número de pares (X e Y) e n-2 são os graus de liberdade (Dias and Barros 2009).

O coeficiente de correlação de Spearman ( $P_s$ ) é determinado pelo modelo:  $P_s = 1 - \frac{6 \sum_i d_i^2}{(n^3-n)}$ , no qual: n é o número de pares (X e Y) e  $d_i$  é a diferença de postos entre X e Y. Posteriormente, para verificar a significância do coeficiente de correlação de Spearman aplica-se o teste t, seguindo o modelo:  $t = P_s \sqrt{\frac{n-2}{1-P_s^2}}$ , onde: n é o número de pares (X e Y) e n-2 são os graus de liberdade (Dias and Barros 2009).

A eficiência de seleção por índice de coincidência pode ser estimada pela expressão  $ES = [(A-C) \div (M-C)] \times 100$ , onde: A é o número de clones selecionados no métodos de seleção antecipada ou em uma época de seleção; C é o número de clones selecionados nos dois métodos de seleção ou nas duas épocas de seleção ou o número de clones selecionados por acaso, os quais dependem da intensidade de seleção previamente estabelecida. Admite-se que, devido ao acaso, exista coincidência entre o número total de progênies selecionadas e a intensidade de seleção; M é o número de progênies selecionadas no método clássico (Hamblin and Zimmermann 1986).

A eficiência de seleção (ES) pode apresentar valores negativos, se os rendimentos forem inversamente relacionados entre os métodos de seleção clássico e SA. Pode apresentar o valor zero, quando o número de genótipos selecionados no método SA não for superior ao número esperado por acaso ou em comum pelos dois métodos. Valor igual a 100% ocorrerá quando o número de genótipos identificados no sistema de seleção alternativo for o mesmo que o número selecionado no sistema de seleção clássico. Valor superior a 100% será verificado, quando o número de clones selecionados pelo método SA for maior que o número de clones selecionados no método clássico (Hamblin and Zimmermann 1986).

## 2.8 Variáveis alvo

O método SSS e a seleção visual antecipada foram desenvolvidos para seleção de famílias e genótipos superiores para as variáveis produção de açúcar e etanol, não havendo ainda avaliações

de famílias e genótipos para obtenção de biomassa (cana-energia). Com esse objetivo, no método SA, em todos os experimentos das fases de seleção e experimentação são realizadas avaliações de características biométricas e agroindustriais.

As variáveis biométricas mais importantes para a seleção em *Saccharum spp.* são: estatura média do colmo (EMC); diâmetro médio do colmo (DMC); número de colmos (NC); massa média da cana (MMC); e toneladas de colmos por hectare (TCH).

Entre as variáveis agroindustriais, destacam-se: teor de sólidos solúveis totais (BRIX); peso do bolo úmido (PBU), % massa de sacarose aparente (POL) e açúcares redutores (AR), a partir das quais estimam-se os valores da pol% corrigido (PCC), fibra % (FIB), pureza (PZA) e açúcares totais recuperáveis (ATR). Associando os dados de TCH com os dados de PCC, FIB e ATR, estimam-se as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de fibra por hectare (TFH) e toneladas de ATR por hectare (TATR), respectivamente (Fernandes 2000).

### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Aguirre Junior JM (1936) **Criação de novas variedades de cana no Estado de São Paulo.** Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 64p.

Alexander AG (1985) **The energy cane alternative.** Elsevier, Amsterdam, 509p.

Amaral AL, Santos JM, Câmara TMM and Barbosa GVS (2012) **Metodologia de conservação de pólen de cana-de-açúcar.** EMBRAPA Tabuleiros Costeiros, Aracaju, 11p.

Agência Nacional de Energia Elétrica (ANEEL) (2008) **Atlas de energia elétrica do Brasil.** Aneel, Brasília, 236p.

Andrade JC (1985) **Escorço histórico de antigas variedades de Cana-de-açúcar.** Associação dos Plantadores de Cana de Alagoas (ASPLANA), Maceio, 288p.

Araldi R, Silva FML, Ono EO and Rodrigues JD (2010) Florescimento em cana-de-açúcar. **Ciência Rural 40:** 694-702.

Araújo JL (2001) A questão do investimento no setor elétrico brasileiro: reforma e crise. **Nova Economia 11:** 77-96.

Barbosa MHP and Silveira LCI (2000) Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **Revista da STAB 18**: 30-32.

Barbosa MHP, Resende MDV, Bressiani JA, Silveira LCI and Peternelli LA (2005) Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 5**: 443-450.

Barbosa MHP and Silveira LCI (2010) Melhoramento genético e recomendação de cultivares. In Santos F, Borém A and Caldas C (eds) **Cana-de-açúcar: Bioenergia, açúcar e álcool – Tecnologias e perspectivas**. UFV, Viçosa, p. 211-224.

Benedetti OIS, Chaves RQ, Magalhães AM, Blos ALF and Silva TN (2009) Análise preliminar da produção de etanol a partir de celulose: caminhos e desafios para a produção de álcool no Rio Grande do Sul. **Engenharia Ambiental 6**: 272-284.

Berding N (1981) Improved flowering and pollen fertility in sugarcane under increased night temperature. **Crop Science 21**: 863-867.

Berding N and Roach BT (1987) Germplasm collection, maintenance, and use. In Heinz DJ (ed) **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, New York, p. 143-210.

Bernardo R (2002) Breeding for quantitative traits in plants. Stemma, Woodbury, 368p.

Bischoff KP, Gravois KA, Eagan TE, Hoy JW, Kimbeng CA, Lambord CM and Hawkins GL (2008) Registration of “L79-1002” sugarcane. **Journal of Plant Registrations 2**: 211-217.

Borém A and Miranda GV (2013) **Melhoramento de plantas**. Editora UFV, Viçosa, 523p.

Brasil. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) (1992) **Regras para análise de sementes**. MAPA/ACS, Brasília, 399p.

Brasileiro BP (2013) **Estratégias de seleção em cana-de-açúcar**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 62p.

Bremer G (1923) A cytological investigation of some species and species hybrids within the genus *Saccharum*. **Genética 5**: 273-326.

Bressiani JA, Vencovsky R and Burnquist WL. Modified sequential selection in sugarcane. In: **Proceedings of XXV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 2005**. ISSCT, Guatemala, p. 459.

Brito JO (2007) The use of wood as energy. **Estudos Avançados 21**: 185-186.

Brown AHD, Daniels J and Latter BDH (1969) Quantitative genetics of sugarcane. II. Correlation analysis of continuous characters in relation to hybrid sugar cane breeding. **Theoretical and Applied Genetics 39**: 1-10.

Cabral FF (2007) **Qualidade fisiológica, determinação do teor de água, e armazenamento de sementes de cana-de-açúcar proveniente de diferentes cruzamentos**. Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Alagoas, Rio Largo, 58p.

Cardona CA, Quintero JA and Paz IC (2010) Production of bioethanol from sugarcane bagasse: status and perspectives. **Bioresource Technology 101**: 4754-4766.

Carneiro MS, Rosa JRBF, Barreto FZ, Balsalobre TWA, Chapola RG, Vieira MAS, Bassinello AI and Hoffmann HP (2011) RB965902 and RB965917 Early/medium maturing sugarcane varieties. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 11**: 280-285.

Casagrande AA (1991) **Tópicos de morfologia e fisiologia da cana-de-açúcar**. FUNEP, Jaboticabal, 157p.

Cesnik R and Miocque J (2004) **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Embrapa Informação Tecnologia, Brasília, 307p.

Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) (2020) **Acompanhamento da safra brasileira: Cana-de-açúcar – Safra 2019/2020**. CONAB, Brasília, 70p.

Cronquist A (1981) **An integrated system of classification of flowering plants**. Columbia University Press, New York, 1262p.

Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS (2012) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, Viçosa, 514p.

Cursi DE, Hoffmann HP, Barbosa GVS, Bressiani JA, Gazaffi R, Chapola RG, Fernandes Junior AR, Balsalobre TWA, Diniz CA, Santos JM and Carneiro MS (2021) History and current status of sugarcane breeding, germplasm development and molecular genetics in Brazil. **Sugar Tech** **23**: 1-22

D'utra GRP and Bolliger R (1904) Cultura da cana-de-açúcar. **Boletim da Agricultura** **5**: 3-39.

Daniels J and Roach BT (1987) Evolution and Taxonomy. In Heinz DJ (ed) **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, New York, p. 7-84.

Daros E, Zambon JLC, Oliveira R and Bessalho-Filho JC (2010) **Liberação nacional de novas variedades “RB” de cana-de-açúcar**. AJIR, Curitiba, 64p.

Deerr N (1949) **The history of sugar**. Chapman and Hall, London, 636p.

Dias LAS and Barros WS (2009) **Biometria experimental**. Suprema, Viçosa, 408p.

Dias MOS, Junqueira TL, Cavalett O, Cunha MP, Jesus CDF, Mantelatto PE, Rossell CEV, Maciel Filho R and Bonomi A (2013) Cogeneration in integrated first and second generation ethanol from sugarcane. **Chemical Engineering Research and Design** **91**: 1411-1417.

Dinardo-Miranda LL, Vasconcelos ACM and Landell MGA (2010) **Cana-de-açúcar**. Instituto Agronômico, Campinas, 882p.

Dunckelman PH and Breaux RD. Evaluation of germ plasm in the USDA sugarcane program at Houma, Louisiana. In: **Proceedings of XIII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1968**. ISSCT, Taiwan, p. 888.

Empresa de Pesquisa Energética (EPE) (2017) **Balanco energético nacional 2017: Ano base 2016**. EPE, Rio de Janeiro, 292p.

Empresa de Pesquisa Energética (EPE) (2019) **Balanco energético nacional 2019: ano base 2018**. EPE, Rio de Janeiro, 292p.

Empresa de Pesquisa Energética (EPE) (2019) **Análise de conjuntura dos biocombustíveis - ano 2018**. EPE, Rio de Janeiro, 75p.

- Ensinas AV, Nebra SA, Lozano MA and Serra LM (2007) Analysis of process steam demand reduction and electricity generation in sugar and ethanol production from sugarcane. **Energy Conversion and Management** **48**: 2978-2987.
- Fernandes AC (2000) **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Sociedade dos Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil (STAB), Piracicaba, 193p.
- Figueiredo P (2010) Breve história da cana-de-açúcar e do papel do Instituto Agronômico no seu estabelecimento no Brasil. In Dinardo-Miranda LL, Landell MGA and Vasconcelos AC (eds) **Cana-de-açúcar**. Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, p. 57-58.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) (2013) **FAO statistical yearbook 2013 - world food and agriculture**. FAO, Rome, 289p.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) (2014) **Food and Nutrition in Numbers 2014**. FAO, Rome, 245p.
- Giamalva MJ, Clarke SJ and Stein JM (1984) Sugarcane hybrid of biomass. **Biomass** **6**: 61-68.
- Grassl CO (1977) The origin of the sugar producing cultivars of *Saccharum*. **Sugarcane Breed** **39**: 8-33.
- Hamblin J and Zimmerman MJO (1986) Breeding common bean for yield mixtures. In Janick J (ed) **Plant Breeding Reviews**. The AVI Publishing Company Inc., New York, p. 245-272.
- Heinz DJ (1965) Wild *Saccharum* species for breeding in Hawaii. In: **Proceedings of XII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1965**. ISSCT, San Juan, p. 1037.
- James NI (1980) Sugarcane. In Fehr WR and Hadley HH (eds) **Hybridization of crop plants**. Wisconsin, Madison, p. 617-629.
- Kimberg CA and Cox MC (2003) Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists** **23**: 20-39.
- Ladd SL, Heinz DJ, Meyer HK and Nishimoto BK. Selection studies in sugarcane (*Saccharum sp.* hybrids). I. Repeatability between selection stages. In: **Proceedings of XV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1974**. ISSCT, Durban, p. 102.

Landell MGA and Bressiani JA (2008) Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In Dinardo-Miranda LL, Landell MGA and Vasconcelos AC (eds) **Cana-de-açúcar**. Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 101-179.

Lascano OG and Mariotti JA (1970) Estudios de seleccion em la etapa de plantines individuales en cana de azucar (I). Asociaciones fenotipicas entre caracteres em el primer corte. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán 47**: 35-45.

Legendre BL and Burner DM (1995) Biomass production of sugarcane cultivars and early generation hybrids. **Biomass Bioenergy 8**: 55-61.

Mangelsdorf AJ (1953) 'Sugarcane breeding in Hawaii'. **The Hawaiian Planters' Record 54**: 101-162.

Mariano J (2015) Cana-energia, a revolução sucroenergética está começando. **NovaCana.com 1**: 1-16.

Matsuoka S, Bressiani J, Maccheroni W and Fouto I (2010) Bioenergia de cana. In Santos F, Borém A and Caldas C (eds) **Cana-de-açúcar: bionergia, açúcar e álcool - tecnologia e perspectiva**. Editora UFV, Viçosa, p. 487-517.

Matsuoka S, Garcia AAF and Arizono H (2005) Melhoramento da cana-de-açúcar. In Borém A (ed) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Editora UFV, Viçosa, p. 205-251.

Melo LJOT (2014) **Sistema simplificado de seleção para a fase inicial do melhoramento genético da cana-de-açúcar**. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 142p.

Melloni MLG (2012) **Fisiologia do florescimento e viabilidade do grão-de-pólen da cana-de-açúcar (*Saccharum sp.*)**. Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 80p.

Ming R, Moore PH, Wu KK, D'hont A, Glaszmann JC, Tew TL, Mirkov TE, Silva J, Jifon J, Rai M, Schnell RJ, Brumbley SM, Lakshmanan P, Comstock JC and Paterson AH (2006) Sugarcane improvement through breeding and biotechnology. In Janick J (ed) **Plant Breeding Reviews**. John Wiley & Sons Inc., Oxford, p. 15-118.

- Mozambani AE, Pinto AS and Mattiuz CFM (2006) História e morfologia da cana-de-açúcar. In Segato SV, Pinto AS, Jendiroba E and Nóbrega JCM (eds) **Atualização em produção de cana-de-açúcar**. Printend, Piracicaba, p. 11-18.
- Oliveira RA, Daros E, Resende MDV, Bepalhok-Filho JC, Zambon JLC, Souza TR and Lucius ASF (2011) Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia** **70**: 796-800.
- Panje RR. The role of *Saccharum spontaneum* in sugarcane breeding. In: **Proceedings of XIV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1971**. ISSCT, New Orleans, p. 217.
- Peternelli LA, Souza EFM, Barbosa MHP and Carvalho MP (2009) Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural** **39**: 2425-2430.
- Quintal SSR (2013) **Seleção e estimação de parâmetros genéticos em população segregante de goiabeira**. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 181p.
- Ramalho MAP, Ferreira DF and Oliveira AC (2012) **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. UFLA, Lavras, 328p.
- Ramos RS, Flôr MF, Soares CR, Silva GC, Melo LJOT and Simões-Neto DES (2019) Caryopsis germination in different methodologies of energy-sugarcane crossing (*Saccharum officinarum* L.). **Journal of Experimental Agriculture International** **32**: 1-7.
- Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) (2013) **Relatório Técnico – ano/2012**. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 84p.
- Resende MDV (2002) **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 975p.
- Resende MDV and Barbosa MHP (2005) **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo, Embrapa Informação Tecnológica, 130p.
- Resende MDV and Barbosa MHP (2006) Selection via simulated BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **41**: 421-429.

- Samuels G, Alexander AG, Rios CE and Garcia H (1984) The production of energy cane in Puerto Rico: The Hatillo Project. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists 3**: 14-17.
- Scarpari MS and Beauclair EGF (2010) Anatomia e botânica. In Dinardo-Miranda LL, Landell MGA and Vasconcelos AC (eds) **Cana-de-açúcar**. Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, p. 47-56.
- Seshagiri Rao P, Davis H and Simpson C. New sugarcane varieties and year round sugar and ethanol production with bagasse-based cogeneration in Barbados and Guyana. In: **XXVI Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 2007**. ISSCT, Durban, p. 245.
- Shang KC, Juang PY, Chu TL and Huang ST. A study on the transmission of some important characteristics of Taiwan originated wild cane (*Saccharum spontaneum* L.) In: **Proceedings of XIII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1968**. ISSCT, Taiwan, p. 968.
- Silva Ramos R, Silva GC, Martins LSS and Moraes Filho RM (2019) To Burn or Not to Burn. The Potential of use and production of biofuels in Brazil. **Annals of Agricultural & Crop Sciences 4**: 1-4.
- Simmonds NW (1976) **Evolution of crop plants**. Longman, London, 339p.
- Simões-Neto DE, Melo LJOT, Chaves A and Lima ROR (2005) **Lançamento de novas variedades RB de cana-de-açúcar**. Imprensa Universitária UFRPE, Recife, 28p.
- Silveira LCI (2014) **Melhoramento genético da cana-de-açúcar para obtenção de cana energia**. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 84p.
- Silveira LCI, Barbosa MHP, Kist V, Daros E, Peternelli LAS, Souza VFM, Ribeiro SNN and Vilarinho FM (2012) Sugarcane: cultivar RB937570. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 12**: 160-163.
- Skinner JC, Hogarth DM and Wu KK (1987) Selection methods, criteria, and indices. In Heinz DJ (ed) **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, Amsterdam, p. 409-453.

Souza EFM, Peternelli LA and Barbosa MHP (2006) Designs and model effects definitions in the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **41**: 369-375.

Stringer JK, Cox MC, Atkin FC, Wei X and Hogarth DM (2011) Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Sugar Tech** **13**: 36-41.

Torrecilla VC, Marrero AG, Pupo FG and Pérez HG. Effect of altitude on sugarcane flowering synchronisation in Cuba. In: **Proceedings of XXVII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 2010**. ISSCT, Veracruz, p. 1.

Ulisses EA (2016) **Respostas morfofisiológicas de genótipos de cana-de-açúcar e cana-energia sob diferentes regimes hídricos na fase de crescimento**. Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, 91p.

União da Indústria da Cana-de-açúcar (ÚNICA) (2017) **Boletim: A bioeletricidade da cana em números - setembro de 2017**. Única, São Paulo, 12p.

União da Indústria de Cana-de-açúcar (ÚNICA) (2019) A bioeletricidade da cana. ÚNICA, São Paulo, 9p.

Urata R (1969) Seedling propagation and bunch size for field transplanting. In Hawaiian Sugar Planters Association (ed) **Annual Report of Experiment Station**. Hawaiian Sugar Planters Association, Mānoa, p. 1-12.

Walker DIT. Utilization of noble and *Saccharum spontaneum* germplasm in the West Indies. **Proceedings of XIV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1971**. ISSCT, New Orleans, p. 224.

Welker CAD and Longhi-Wagner HM (2012) The genera *Eriochrysis* P. Beauv., *Imperata* Cirillo and *Saccharum* L. (Poaceae - Andropogoneae - Saccharinae) in the state of Rio Grande do Sul. **Brazilian Journal of Botany** **35**: 87-105.

## **CAPITULO II**

### **EFICIÊNCIA NA OBTENÇÃO DE SEEDLINGS DE *Saccharum spp.* EM FAMÍLIAS DE CANA-ENERGIA**

## **Eficiência na obtenção de *seedlings* de *Saccharum spp.* em famílias de cana-energia**

### **Resumo**

Objetivou-se com o presente trabalho avaliar o desenvolvimento fenológico de populações de cana-energia obtidas através dos métodos clássico e seleção antecipada. Os cruzamentos foram realizados na Estação de Floração e Cruzamento de Devaneio e os experimentos instalados na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina. Os ensaios foram conduzidos sob delineamento inteiramente casualizados para estimar o percentual de germinação da cariopse. Os dados foram arranjados em parcelas subdivididas no tempo para avaliar a altura e o número de plantas, e em grupos de experimentos para comparar o desenvolvimento das plantas entre os métodos. Nos dois primeiros arranjos experimentais, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott e no terceiro foram comparadas pelo teste de Tukey, todos a 5% de probabilidade. Verificou-se que conduzir populações pelo método clássico não favorece ganhos significativos quanto ao número de plantas em função do perfilhamento e do maior espaço entre plantas, mas favorece o crescimento e uniformidade das plantas. O método SA não favorece o crescimento das plantas e a mortalidade de planta é mais intensa que no método clássico, sendo as plantas mais vulneráveis à competição por espaço, água, luz e nutrientes. Há possibilidade de seleção das melhores famílias através de ambos os métodos pela observação da altura das plantas. Os policruzamentos com os genitores femininos IN 84-58 (C14) e PRBIO 371 (C13), bem como os cruzamentos biparentais PRBIO 353 x PRBIO 273 (C8) e PRBIO 264 x PRBIO 182 (C7) são os mais indicados entre os estudados para novas campanhas de cruzamentos para o caráter altura de plantas de cana-energia.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, hibridação, cariopse.

## Efficiency in obtaining *Saccharum spp.* seedlings in energy cane families

### Abstract

The objective of this study was to evaluate the phenological development of sugarcane populations obtained through the classical and early selection methods. The crossings were carried out at the Estação de Floração e Cruzamento de Devaneio and the experiments were installed at the Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina. The tests were conducted under a completely randomized design to estimate the percentage of germination of karyopsis, in plots subdivided in time to evaluate the height and number of plants, and in groups of experiments to compare the development of plants between the methods of population conduction. In the first two experimental arrangements, the averages were grouped by the Scott and Knott test and in the third, they were compared by the Tukey test, all at 5% probability. It was found that conducting populations by the classical method does not favor significant gains in the number of plants due to tilling and the greater space between plants, but it does favor the growth and uniformity of plants. The SA method does not favor plant growth and plant mortality is more intense than in the classic method, with plants being more vulnerable to competition for space, water, light and nutrients. It is possible to select the best families using both methods by observing the height of the plants. The crossroads with the female parents IN 84-58 (C14) and PRBIO 371 (C13), and the two-parent crossings PRBIO 353 x PRBIO 273 (C8) and PRBIO 264 x PRBIO 182 (C7) are the most indicated among those studied for new crossing campaigns for the height character of sugarcane plants.

**Keywords:** Genetic improvement, hybridization, karyopsis.

## INTRODUÇÃO

A população base para seleção de novos genótipos de cana-de-açúcar é composta por plântulas obtidas das cariopses, as quais são obtidas através de cruzamentos genéticos nos bancos ativos de germoplasma (BAG) da cana-de-açúcar (Cesnik and Miocque 2004). Os *seedlings* produzidos ingressam no primeiro ciclo de seleção (T1). A seleção executada na fase T1 é a mais importante para o sucesso do programa de melhoramento, pois, nas fases subsequentes não ocorre a inclusão de novos materiais genéticos (Brasileiro 2013). Isso ocorre porque os indivíduos selecionados são propagados vegetativamente, ingressando nos sucessivos ciclos de seleção e experimentação até a liberação da nova variedade de cana-de-açúcar (Barbosa and Silveira 2000, Barbosa et al. 2005, Barbosa and Silveira 2010, Carneiro et al. 2011, Daros et al 2010, Melo et al. 2014, Silveira et al. 2012, Simões-Neto et al. 2005).

Após os cruzamentos, a etapa de produção de *seedlings* é a mais importante por expor a variabilidade genética disponível para a seleção (Brasileiro 2013). Entretanto, a produção de *seedlings* é uma das etapas mais onerosas do programa de melhoramento, além dos custos operacionais e logísticos relacionados à realização dos cruzamentos genéticos e do plantio do T1 (Melo 2014).

Segundo Simões-Neto et al. (2005), a seleção do T1 convencional é realizada dos 10 aos 12 meses no estádio de cana-soca. Argumenta-se que as diferenças entre os genótipos não são atestadas com segurança em cana-planta, pois, as plântulas são obtidas por meio de sementes botânicas – as quais são vulneráveis as variações do ambiente. Acredita-se, ainda, que o potencial do genótipo pode ser mascarado ao ser comparado com variedades oriundas de propagação vegetativa – o que proporciona maior vigor que as obtidas das cariopses. Além disso, a seleção em cana-soca permitiu que os genótipos sejam submetidos à seleção natural para o carácter capacidade de rebrota (Lascano and Mariotti 1970).

Para contornar esse problema, o método Sistema Simplificado de Seleção (SSS) foi proposto. O método SSS proporcionou a redução dos custos logísticos e de mão-de-obra para o plantio do T1,

além de homogeneizar a comparação entre os indivíduos e os cultivares, facilitando a seleção em cana-planta (Melo 2014). Entretanto, o Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC) – pertencente à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), instituição integrante da Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) – tem buscado propostas para aumentar a eficiência na produção das populações base para a seleção. Entre as propostas em desenvolvimento, o método de seleção antecipada (SA).

No método SA, são semeadas 0,5g de cariopses, sendo selecionadas apenas as populações que apresentem ao menos 100 *seedlings*. Além de auxiliar na determinação da eficiência dos cruzamentos, esse número de indivíduos por família é suficiente para representar a variabilidade genética da população e maximizar os ganhos de seleção (Silva et al. 2015, Escobar 2018).

Os *seedlings* ficam nas caixas durante 90 dias, até que sejam plantados diretamente para o campo em grupos de 10 (plantio em *bunche*). A escolha entre o plantio individual ou agrupado é influenciada pelo tipo e sistema de cruzamentos e pelo volume de cariopse produzida. Opta-se pelo plantio em covas individuais, quando se dispõe de pouca cariopse. Opta-se pelo plantio agrupado quando: existem limitações na disponibilidade de área para o plantio do T1 (Dinardo-Miranda et al. 2010, Mangelsdorf 1953, Urata 1969); se dispõe de grande número de indivíduos de cruzamentos não testados previamente (Ladd et al. 1974); busca-se reduzir os custos com a seleção e o favorecer a seleção de famílias (Dinardo-Miranda et al. 2010).

O plantio agrupado apresenta os seguintes pontos negativos: necessita de 5 a 20 vezes mais *seedlings* que o plantio em cova individual (Dinardo-Miranda et al. 2010); inferioridade do desenvolvimento das plântulas em comparação com o plantio em covas individuais devido a competição entre elas (Skinner et al. 1987); baixa disponibilidade de mudas para o plantio da etapa seguinte de seleção (T2) (Dinardo-Miranda et al. 2010).

Esse procedimento pode reduzir os custos operacionais, além de evitar os estresses causado pelo transplântio e aumentar o número de indivíduos avaliados (Dinardo-Miranda et al. 2010).

Entretanto, o efeito da competição entre as plântulas por espaço, água, luz e nutrientes pode ser um fator limitante ao desenvolvimento das plântulas, fator esse que, na literatura recente, ainda é pouco abordado. Salienta-se que o período de permanência por 90 DAS foi arbitrado.

Acrescenta-se, ainda, que o método SSS e a seleção visual antecipada foram desenvolvidos para seleção de famílias e genótipos superiores para as variáveis produção de açúcar e etanol, não havendo ainda avaliação de famílias e genótipos para obtenção de biomassa (cana-energia). Neste contexto, objetivou-se comparar o desenvolvimento fenológico das plantas e das famílias de *Saccharum spp.*, voltadas para seleção de cana-energia, conduzidas pelos métodos clássico e seleção antecipada.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados 27 cruzamentos, sendo oito biparentais, dez policruzamentos e nove autofecundações, conforme identificados na tabela 1.

**Tabela 1.** Identificação dos cruzamentos de cana realizados para avaliação de famílias de cana energia.

Clones	Genitores		Procedência
	Feminino	Masculino	
C1	PRBIO 392	PRBIO 215	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C2	PRBIO 273	PRBIO 163	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C3	PRBIO 302	PRBIO 298	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C4	PRBIO 298	PRBIO 150	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C5	PRBIO 392	PRBIO 011	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C6	PRBIO 221	PRBIO 215	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C7	PRBIO 264	PRBIO 182	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C8	PRBIO 353	PRBIO 273	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C9	RB027052	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C10	PRBIO 298	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C11	PRBIO 133	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C12	PRBIO 150	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C13	PRBIO 371	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C14	IN 84-58	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C15	Co285	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C16	RB892783	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C17	RB036066	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C18	PRBIO 225	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C19	PRBIO 298 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C20	PRBIO 273 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C21	PRBIO 163 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C22	PRBIO 393 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C23	RB036066 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C24	MEX54-81 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C25	PRBIO 212 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C26	PRBIO 589 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C27	PRBIO 392 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA

\* Genitor desconhecido; (X) Autofecundação.

As hibridações foram realizadas na Estação de Floração e Cruzamento da Cana-de-açúcar de Devaneio (EFCCD), localizada no Município de Amaraji, Zona da Mata Sul do Estado de Pernambuco (latitude 08°19'8"S, longitude 35°24'893"W e altitude 514m). A precipitação média anual da Região é de 2600 mm, com temperaturas mínimas e máximas de 18,92°C e 28,15°C, respectivamente. O clima local é tropical com estação seca, classificado como As (Köppen 1928).

Este ambiente é considerado propício ao florescimento da cana-de-açúcar, tornando possível realizar hibridações (Araldi et al. 2010, Berding 1981, Melloni 2012, Moore and Nuss 1987, Nuss and Berding 1999).

Os experimentos foram conduzidos na casa de vegetação e na área agrícola da EECAC/UFRPE/RIDESA, situada no município de Carpina-PE (latitude 07°51'03"S, longitude 35°15'17"W e altitude 184m). Foram semeadas quatro amostras com 0,5g de cariopses de cada cruzamento em caixas plásticas (50 x 30cm), contendo substrato (composto de torta de filtro e cinza de caldeira, com proporção 3:1), as quais subsequentemente foram cobertas com napa, sendo retirada cinco dias após o semeio (DAS).

Após 15 DAS, as plântulas foram conduzidas para aclimação. Aos 30 DAS, foi estimado o percentual de germinação (%G) (Cabral 2007). Segundo o autor, em 2g de cariopses não selecionadas, é possível obter-se 1152 *seedlings*. Logo, em 0,5g é possível obter-se 288 *seedlings*.

Este experimento foi conduzido sob delineamento inteiramente casualizados, procedendo-se a análise de variância e o teste de agrupamento de médias de Scott e Knott (1974) à 5% de probabilidade. Baseado nos resultados, foram selecionadas 19 famílias, as quais apresentaram mais de 100 *seedlings* em cada repetição. Esse número de indivíduos por família é suficiente para representar a variabilidade genética e maximizar os ganhos de seleção (Silva et al. 2015, Escobar 2018) (Tabela 2).

**Tabela 2.** Identificação dos cruzamentos de cana realizados para avaliação de famílias de cana energia.

Cruzamentos	Genitores		Procedência
	Feminino	Masculino	
C1	PRBIO 392	PRBIO 215	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C2	PRBIO 273	PRBIO 163	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C3	PRBIO 302	PRBIO 298	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C4	PRBIO 298	PRBIO 150	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C6	PRBIO 221	PRBIO 215	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C7	PRBIO 264	PRBIO 182	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C8	PRBIO 353	PRBIO 273	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C10	PRBIO 298	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C12	PRBIO 150	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C13	PRBIO 371	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C14	IN84-58	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C15	Co285	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C17	RB036066	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C18	PRBIO 225	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C19	PRBIO 298 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C20	PRBIO 273 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C23	RB036066 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C26	PRBIO 589 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C27	PRBIO 392 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA

\* Genitor desconhecido; (X) Autofecundação.

Aos 45 DAS, uma das repetições foi utilizada para repicagem dos *seedlings* para compor a população base do método clássico de melhoramento, as demais foram conduzidas pelo SA.

Foram realizadas 5 avaliações biométricas quinzenais no experimento 1 – método clássico – a partir de 30 DAS até os 90 DAS; e 4 avaliações biométricas quinzenais para o experimento 2 – método AS – a partir de 45 DAS até os 90 DAS. As variáveis mensuradas foram: número de plântulas (contagem da brotação primária), perfilhamento (contagem dos brotos secundários e terciários), mortalidade (contagem dos brotos primários, secundários e terciários mortos) e altura de 10 plantas por repetição (medido do solo até o último *dewlap* visível).

As médias fenotípicas obtidas em cada período de avaliação foram submetidas a análises de variância em arranjo de parcela subdividida e aplicado o teste de agrupamento de médias de Scott e Knott à  $p < 0,05$ .

As médias fenotípicas obtidas na avaliação final, aos 90 DAS, foram submetidas a análises de variância em grupos de experimentos e aplicado o teste comparativo de médias de Tukey à  $p < 0,05$ .

As análises de variância, o teste de agrupamento de médias de Scott e Knott (1974) e o teste comparativo de médias de Tukey foram realizados com auxílio do aplicativo computacional GENES (Cruz 2013).

Foi avaliada a mortalidade das famílias plantadas no T1 pelos métodos clássico e SA. Para tal, foram realizados dois experimentos sob delineamento de blocos casualizados. O primeiro seguiu o método clássico de seleção (Simões Neto et al. 2005). A parcela experimental foi constituída de 12 *seedlings* – distribuídos em dois sulcos de três metros, espaçados em 0,5m entre plantas e 1,15m entre sulcos, com três repetições – totalizando 36 *seedlings* por família.

O segundo experimento seguiu o método de seleção antecipada com plantio agrupado (*bunche* de 10). A parcela experimental foi constituída de 80 *seedlings* – sendo plantados em conjuntos de 10 *seedlings* por cova espaçadas em 0,75 metros, em dois sulcos de três metros espaçados em 1,15 m, com três repetições, totalizando 240 *seedlings* por família.

Foi avaliado o número de touceiras mortas por família aos 180 dias após o plantio. A partir desses dados foram estimados os percentuais de mortalidade, conforme modelo:  $M = \frac{n \text{ de touceiras mortas}}{n \text{ de touceiras plantadas}} * 100$ . Os dados percentuais foram transformados para raiz quadrada para atender a normalidade. Foi realizada a análise de variância conjunta e aplicado o teste de Tukey a 5% de probabilidade.

## **RESULTADOS E DISCUSSÕES**

Houve diferença significativa ao nível de 1% de probabilidade para a fonte de variação fertilidade da cariopse. O coeficiente de variação foi 19,36%, sendo considerado médio, o que demonstra boa precisão experimental (Gomes 2009), a qual está intimamente associada a boa homogeneização das cariopses antes do semeio, conforme descrito nas Regras para Análise de Sementes (RAS) do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) (Brasil 1992) (Tabela 3).

**Tabela 3.** Resultado da análise de variância das médias da fertilidade das cariopses das 27 famílias avaliadas e a herdabilidade do caráter.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrado médio	Herdabilidade (%)
Fertilidade da cariopse	26	1294,1824**	98,17
Resíduo	54	23,6960	
Média geral (%)		25,14	
Coefficiente de variação (%)		19,36	

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

A fertilidade das cariopses apresentou alta herdabilidade (98,17%). Caracteres que apresentam alta herdabilidade são geralmente governados por poucos genes, o que reduz a influência do ambiente sobre sua expressão. As estimativas de herdabilidade, além de indicar a porção herdável da variância genotípica, indica também as condições ideais do ambiente para seleção (Vela-Cardenas and Frey 1972). Desta forma, associando a estimativa da herdabilidade ao CV médio encontrado, afirma-se que as condições experimentais foram ideais para avaliação do experimento, uma vez que as estimativas para herdabilidade foram maximizadas pelo ambiente.

O teste de Scott e Knott (1974) formou seis grupos distintos para a fertilidade das cariopses. O cruzamento C8 (81,48%) apresentou a média mais elevada entre todos os tratamentos, seguido do cruzamento C27 (67,82%) (Tabela 4).

**Tabela 4.** Agrupamento dos valores médios da fertilidade das cariopses (%) dos cruzamentos avaliados de acordo com o teste de Scott e Knott (1974).

Cruzamentos	Médias (%)	Cruzamentos	Médias (%)	Cruzamentos	Médias (%)
C8	<b>81,48</b> $\pm$ 4,08a	C15	<b>26,50</b> $\pm$ 4,08e	C2	<b>13,19</b> $\pm$ 4,08f
C27	<b>67,82</b> $\pm$ 4,08b	C18	<b>26,04</b> $\pm$ 4,08e	C24	<b>8,77</b> $\pm$ 4,08f
C3	<b>57,41</b> $\pm$ 4,08c	C4	<b>25,35</b> $\pm$ 4,08e	C11	<b>5,32</b> $\pm$ 4,08f
C13	<b>50,35</b> $\pm$ 4,08c	C6	<b>25,00</b> $\pm$ 4,08e	C9	<b>4,86</b> $\pm$ 4,08f
C26	<b>45,72</b> $\pm$ 4,08d	C17	<b>22,57</b> $\pm$ 4,08e	C21	<b>4,28</b> $\pm$ 4,08f
C1	<b>41,32</b> $\pm$ 4,08d	C12	<b>21,76</b> $\pm$ 4,08e	C25	<b>4,17</b> $\pm$ 4,08f
C19	<b>28,24</b> $\pm$ 4,08e	C7	<b>21,06</b> $\pm$ 4,08e	C22	<b>3,01</b> $\pm$ 4,08f
C14	<b>27,31</b> $\pm$ 4,08e	C23	<b>18,98</b> $\pm$ 4,08e	C16	<b>1,16</b> $\pm$ 4,08f
C10	<b>27,31</b> $\pm$ 4,08e	C20	<b>17,94</b> $\pm$ 4,08e	C5	<b>0,35</b> $\pm$ 4,08f

Médias seguidas de mesma letra não diferem-se pelo teste de Scott e Knott (1974).

Os cruzamentos C8 e C27 foram obtidos respectivamente através dos métodos biparental e autofecundação, divergindo das conclusões feitas por Cabral (2011) e Caiero (2008), onde ambos afirmaram que as maiores médias de germinação das cariopses são oriundas de policruzamentos. Infere-se que tais divergências estejam relacionadas a natureza dos parentais, os quais são utilizados para cruzamentos visando a obtenção de cana-energia, enquanto os progenitores estudados pelos autores supracitados são recomendados para obtenção de açúcar e etanol. Em pesquisa comparando a germinação das cariopses obtidas dos mesmos cruzamentos avaliados no presente estudo, verificou-se que os cruzamentos biparentais entre genitores de energia-cana, os quais apresentam maior participação genética de *S. spontaneum*, tendem a apresentar maior fertilidade de cariopse do que aqueles obtidos por policruzamento ou autofecundação (Ramos et al. 2019). Tais divergências podem estar associada, ainda, a pequena quantidade de cruzamentos avaliada, indicando a necessidade de estudos mais amplos sobre o tema.

Os cruzamentos C8 e C27 apresentam médias superiores a três vezes o desvio padrão da população ( $3 \times 19,99 = 59,97\%$ ). De acordo com Simmonds (1996), a seleção baseada neste valor aumenta as probabilidades de se obter genótipos superiores sem haver perda significativa da variabilidade genética.

Para compor o estudo de famílias nas próximas etapas do experimento, foram selecionadas as 19 famílias que apresentaram mais de 100 *seedlings*. Segundo Silva et al. (2015) e Escobar (2018), esse número de genótipos é suficiente para representar a variabilidade genética da família e maximizar os ganhos de seleção.

A análise de variância mostrou diferença significativa ao nível de 1% de probabilidade – para as fontes de variação famílias, tempo e para a interação famílias x tempo – para o número de plantas conduzidas pelo método SA (Tabela 5).

**Tabela 5.** Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável número de plantas conduzidas pelo método SA.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Famílias	18	33912,2807**
Resíduo 1	36	511,9006
Tempo	4	1384,8649**
Interação Família x Tempo (F x T)	72	293,6131**
Resíduo 2	156	98,9193
Média geral	97,73	
Coefficiente de variação 1 (%)	23,15	
Coefficiente de variação 2 (%)	10,18	

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

O coeficiente de variação associados à família e ao tempo foram 23,15% e 10,88%, respectivamente, sendo considerado respectivamente alto e médio, o que demonstra média e boa precisão experimental para a natureza agrônômica da variável em estudo (Gomes 2009).

Verifica-se, na tabela 6, diferença estatística significativa para o desdobramento das famílias dentro de todos os períodos de avaliação (30, 45, 60, 75 e 90 DAS) pelo teste de Scott e Knott (1974).

**Tabela 6.** Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott (1974), para os valores médios do número de plantas do método SA.

Famílias	30 DAS			45 DAS			60 DAS			75 DAS			90 DAS			Per.	Mort.
C8	235	a	A	232	a	A	231	a	A	238	a	A	172	a	B	36	99
C27	195	b	A	193	b	A	193	b	A	200	b	A	155	b	B	38	78
C3	165	c	A	160	c	A	149	c	B	144	c	B	131	c	B	12	46
C13	145	d	A	143	d	A	140	c	A	138	c	A	112	d	B	0	33
C26	132	d	A	132	d	A	132	c	A	134	c	A	127	c	A	15	20
C1	119	e	A	116	e	A	112	d	A	100	d	A	115	d	A	15	19
C19	81	f	A	86	f	A	90	e	A	99	d	A	84	f	A	36	33
C14	79	f	A	81	f	A	84	e	A	88	d	A	83	f	A	11	7
C10	79	f	A	75	f	A	74	f	A	73	e	A	75	f	A	13	17
C15	76	f	B	83	f	B	91	e	B	108	d	A	99	e	A	47	24
C18	75	f	B	80	f	B	87	e	A	100	d	A	68	g	B	37	44
C4	73	f	A	71	g	A	70	f	A	66	e	A	61	g	A	5	17
C6	72	f	A	70	g	A	66	f	A	61	e	A	58	g	A	1	15
C17	65	g	B	72	g	B	86	e	A	93	d	A	70	g	B	51	46
C12	62	g	A	66	g	A	69	f	A	72	e	A	60	g	A	15	17
C7	61	g	A	61	g	A	63	f	A	64	e	A	67	g	A	10	4
C23	55	g	A	58	g	A	62	f	A	67	e	A	52	g	A	20	23
C20	52	g	A	56	g	A	57	f	A	64	e	A	61	g	A	21	12
C2	38	h	A	38	h	A	40	g	A	43	f	A	51	g	A	21	8

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott (1974). Letras minúsculas distinguem a fonte de variação famílias dentro de cada tempo de avaliação e letras maiúsculas distinguem a fonte de variação famílias ao longo do tempo. Per (perfilhamento); Mort (mortalidade).

A família C8 destacou-se em todos os períodos de avaliação, seguida da família C27, apresentando respectivamente a primeira e a segunda maior média. Constatou-se que as famílias C26, C1, C19, C14, C10, C4, C6, C12, C7, C23 e C20 não apresentaram variação estatisticamente significativa para o número de *seedlings* das famílias ao longo do tempo. Por sua vez, as populações C8, C27, C3 e C13, as quais apresentaram consecutivamente as quatro maiores médias na avaliação inicial, sofreram variação significativa do número de plantas ao longo do tempo. Tal variação ocorreu predominantemente em função da alta mortalidade de plantas, a qual torna-se significativa a partir de 60 DAS e se concretiza ainda mais intensa na avaliação de 90 DAS (Tabela 6).

A família C15 também apresentou variação, porém, verifica-se que houve aumento significativo do número de plantas devido ao alto perfilhamento, que se torna significativo na avaliação de 75 DAS. Por sua vez, as famílias C18 e C17 mesmo apresentando alto perfilhamento inicial, apresentou queda significativa do número de plantas por mortalidade, a qual está intimamente associada a competição por espaço físico, água, luz, nutrientes e sombreamento (Tabela 6).

A altura dos *seedlings* apresentou diferença significativa ao nível de 1% de probabilidade para as fontes de variação famílias, tempo e interação famílias x tempo (Tabela 7).

**Tabela 7.** Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável altura das plantas conduzidas pelo método SA.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Família	18	32,8277**
Resíduo 1	36	0,7291
Tempo	3	88,3413**
Interação Família x Tempo (F x T)	54	3,6512**
Resíduo 2	116	0,3705
Média geral	9,58	
Coefficiente de variação 1 (%)	8,91	
Coefficiente de variação 2 (%)	6,36	

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Os coeficientes de variação associados à família e ao tempo foram respectivamente 8,91% e 6,36%, sendo considerado baixo, o que demonstra ótima precisão experimental para a natureza agrônômica da variável em estudo (Gomes 2009).

Observa-se na tabela 8 a formação de seis grupos distintos pelo teste de Scott e Knott (1974) para a avaliação de 45 DAS e de cinco grupos para as demais avaliações. Na avaliação de 45 DAS, a família C17 apresentou a maior média (12,84 cm). Já nas avaliações de 60 e 75 DAS, as populações C13 (11,38 cm e 14,81 cm) e C14 (11,77 cm e 13,88 cm) apresentam as maiores médias. Na última avaliação, aos 90 DAS, destacou-se a família C14 com 15,45 cm de altura.

**Tabela 8.** Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott (1974), para os valores médios da altura de plantas (cm) conduzidas pelo método SA.

Famílias	45 DAS			60 DAS			75 DAS			90 DAS			Amplitude de Variação
C14	11,48	b	B	11,77	a	B	14,61	a	A	15,45	a	A	3,97
C13	11,28	b	B	11,38	a	B	13,88	a	A	14,37	b	A	3,12
C8	5,37	f	D	7,43	d	C	11,46	c	B	13,49	b	A	8,12
C7	8,32	d	C	8,89	c	C	12,18	b	B	13,46	b	A	5,14
C15	8,21	d	C	8,50	c	C	11,54	c	B	12,58	c	A	4,37
C12	10,34	c	B	10,62	b	B	12,19	b	A	11,75	c	A	1,41
C6	8,33	d	B	8,77	c	B	11,07	c	A	11,37	c	A	3,04
C20	8,50	d	B	8,64	c	B	10,97	c	A	11,30	c	A	2,80
C10	7,62	d	B	7,77	d	B	9,97	d	A	10,17	d	A	2,55
C17	12,84	a	A	10,33	b	B	10,19	d	B	9,85	d	B	-2,99
C2	7,54	d	B	7,69	d	B	9,73	d	A	9,75	d	A	2,21
C1	5,86	f	B	5,98	e	B	8,73	e	A	9,48	d	A	3,62
C4	8,49	d	B	8,71	c	B	10,03	d	A	9,35	d	A	0,86
C23	8,54	d	B	8,77	c	B	9,93	d	A	9,09	d	B	0,55
C19	7,77	d	B	7,99	c	B	9,52	d	A	9,04	d	A	1,27
C27	6,52	e	B	6,70	e	B	8,82	e	A	8,94	d	A	2,42
C18	10,15	c	A	9,06	c	B	8,95	e	B	8,29	e	B	-1,89
C3	6,10	f	B	6,27	e	B	8,22	e	A	8,17	e	A	2,07
C26	7,03	e	B	7,53	d	B	8,82	e	A	8,11	e	A	1,08

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott (1974). Letras minúsculas distinguem a fonte de variação famílias dentro de cada período de avaliação e letras maiúsculas distinguem a fonte de variação famílias ao longo do tempo.

Observando o crescimento médio das plantas por família no decorrer do tempo, verifica-se que, com exceção das famílias C17 e C18, as quais apresentaram redução do tamanho, as demais famílias tiveram crescimento significativo da altura das plantas das famílias estudadas. Consta-se também que apenas a família C8 teve crescimento significativo da altura das plantas em todos os períodos de avaliação, indicando que existe uma relação entre a densidade populacional e o desenvolvimento vegetativo. Apesar de apresentar alto perfilhamento, a mortalidade foi elevada devido a competição, chegando a um equilíbrio entre o perfilhamento e a mortalidade, favorecendo

o crescimento das plantas. Famílias com essas características devem ser selecionadas e suas combinações repetidas em campanhas de cruzamento por apresentar alto valor genotípico, o que aumenta a probabilidade de encontrar clones superiores (Barbosa et al. 2005).

No segundo experimento, o qual consiste na condução das famílias e plantas pelo sistema clássico de melhoramento, verificou-se diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F para as fontes de variação famílias, tempo e interação famílias x tempo (Tabela 9).

**Tabela 9.** Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável número de plantas conduzidas pelo método convencional.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Família	18	68,52**
Resíduo 1	36	18,44
Tempo	3	249,50**
Interação Família x Tempo (F x T)	54	14,12**
Resíduo 2	116	6,36
Média geral	27,61	
Coefficiente de variação 1 (%)	15,55	
Coefficiente de variação 2 (%)	9,14	

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Os coeficientes de variação associados à família e ao tempo foram respectivamente 15,55% e 9,14%, sendo considerado médio e bom, respectivamente, o que demonstra boa e ótima precisão experimental para a natureza agrônômica da variável em estudo (Gomes 2009).

Quanto ao desdobramento da interação famílias x tempo, houve diferença estatística significativa apenas nas avaliações de 75 DAS e 90 DAS, sendo formados respectivamente dois e quatro grupos pelo teste de Scott e Knott (1974) (Tabela 10).

**Tabela 10.** Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott (1974) para os valores médios do número de plantas pelo método convencional

Famílias	45 DAS		60 DAS		75 DAS		90 DAS		Per.	Mort.
C10	30	a A	32	a A	32	a A	34	a A	5	1
C7	30	a A	30	a A	31	a A	33	a A	3	0
C13	30	a A	30	a A	30	a A	31	a A	3	2
C8	30	a A	30	a A	29	a A	29	b A	2	3
C15	30	a A	30	a A	23	b A	29	b A	6	7
C27	30	a A	29	a A	29	a A	28	b A	1	3
C23	30	a A	29	a A	29	a A	27	b A	0	3
C18	30	a A	29	a A	28	a A	27	b A	1	4
C20	30	a A	29	a A	28	a A	26	b A	0	4
C14	30	a A	29	a A	28	a A	26	b A	0	4
C4	30	a A	28	a A	27	b A	25	b A	0	5
C1	30	a A	28	a A	26	b B	24	c B	2	8
C6	30	a A	27	a A	25	b B	23	c B	0	7
C3	30	a A	27	a A	29	a B	21	c B	4	13
C19	30	a A	26	a A	25	b B	21	c B	0	9
C26	30	a A	27	a A	25	b A	19	d B	0	11
C12	30	a A	28	a A	24	b B	18	d C	0	12
C17	30	a A	26	a B	24	b B	18	d C	0	12
C2	30	a A	24	a B	20	b C	17	d C	0	13

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott (1974). Letras minúsculas distinguem a fonte de variação famílias dentro de cada tempo de avaliação e letras maiúsculas distinguem a fonte de variação famílias ao longo do tempo. Per (perfilhamento); Mort (mortalidade).

Na avaliação de 75 DAS, as famílias C10, C7, C13, C8, C23, C27, C3, C20, C14 e C18 destacaram-se reunidas no grupo de maior média. Já na avaliação de 90 DAS, as maiores médias foram observadas nas famílias C10, C7 e C13, as quais apresentaram maior perfilhamento do que mortalidade (Tabela 10). Verifica-se que a mortalidade dos *seedlings* foi bastante elevada, sendo a grande responsável pela variação observada, podendo estar associada a fatores genéticos e/ou a limitação do espaço físico da caixa, uma vez que as plantas se desenvolvem mais rapidamente no método clássico de seleção do que no método SA, constatação que poderá ser verificada nas tabelas seguintes.

Verificou-se que, assim como no método SA, a maioria das famílias não apresentou mudança significativa do número de plantas em função do perfilhamento ou da mortalidade (C10, C7, C13, C8, C15, C27, C23, C18, C20, C14 e C4). Entretanto, as famílias C17 e C2 apresentaram-se mais vulneráveis à mortalidade de plantas a partir da avaliação de 60 DAS, enquanto as populações C1,

C6, C3, C19 e C12 decaíram significativamente na avaliação de 75 DAS. Já a descendência do cruzamento C26 mostrou diferença significativa apenas na avaliação final, aos 90 DAS.

Analisando o desempenho individual das famílias ao longo do tempo, constatou-se que nenhuma das famílias avaliadas teve aumento significativo do número de plantas em função do perfilhamento. Esperava-se que as plantas apresentassem aumento do perfilhamento, uma vez que o espaço individual é maior, permitindo que as raízes e perfilhos se desenvolvessem livremente. Desta forma, a variação estatisticamente verificada está predominantemente associada a mortalidade das plantas (Tabela 10).

Para altura dos seedlings, observou-se diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F para as fontes de variação famílias, tempo e para a interação famílias x tempo (Tabela 11).

**Tabela 11.** Resumo da análise de variância em parcelas subdivididas no tempo para a variável altura de plantas conduzidas pelo método clássico.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Família	18	37,3149**
Resíduo 1	36	0,7394
Tempo	3	330,8557**
Interação Família x Tempo (F x T)	54	3,2213**
Resíduo 2	116	0,3915
Média geral	10,88	
Coeficiente de variação 1 (%)	7,91	
Coeficiente de variação 2 (%)	5,75	

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Os coeficientes de variação associados à família e ao tempo foram respectivamente 7,91% e 5,75%, sendo considerados baixos, o que demonstra ótima precisão experimental para a natureza agronômica da variável em estudo (Gomes 2009).

Quanto as avaliações de 45 e 75 DAS, observa-se a formação de cinco grupos distintos pelo teste de Scott e Knott (1974). Aos 60 DAS, houve a formação de quatro grupos e sete grupos para a avaliação final, indicando que as famílias tiveram melhores condições de se desenvolver e expressar seu potencial genético através da sua condução pelo método clássico de seleção (Tabela 12).

**Tabela 12.** Análise do desdobramento da interação famílias x tempo, com teste de Scott e Knott (1974), para os valores médios da altura de plantas (cm) conduzidas pelo método clássico.

Famílias	45 DAS			60 DAS			75 DAS			90 DAS			Amplitude de variação
C14	11,53	a	D	12,88	a	C	16,56	a	B	18,23	a	A	6,70
C13	11,25	a	C	12,16	a	C	15,62	a	B	17,07	b	A	5,82
C7	8,28	c	C	10,24	b	C	14,22	b	B	16,19	c	A	7,91
C8	5,37	e	C	8,78	c	C	13,48	b	B	16,19	c	A	10,82
C15	8,23	c	D	9,81	b	C	13,60	b	B	15,38	d	A	7,15
C12	10,22	b	C	10,46	b	C	13,52	b	B	14,60	d	A	4,38
C6	8,38	c	C	9,26	c	C	12,63	c	B	14,00	e	A	5,62
C20	8,49	c	C	9,23	c	C	12,60	c	B	13,97	e	A	5,48
C10	7,68	c	C	8,27	c	C	11,60	d	B	12,86	f	A	5,18
C17	12,37	a	B	12,46	a	B	13,64	b	A	12,75	f	B	1,27
C2	7,68	c	C	8,06	c	C	11,25	d	B	12,43	f	A	6,30
C1	5,92	e	D	7,07	d	C	10,64	e	B	12,22	g	A	6,30
C4	8,57	c	B	8,75	c	B	11,43	d	A	12,11	g	A	3,51
C23	8,60	c	B	8,78	c	B	11,32	d	A	11,85	g	A	3,25
C19	7,83	c	B	8,00	c	B	10,91	d	A	11,81	g	A	3,98
C27	6,66	d	C	7,11	d	C	10,33	e	B	11,56	g	A	4,90
C18	10,19	b	B	10,40	b	B	11,69	d	A	10,97	d	A	1,50
C3	6,20	e	C	6,61	d	C	9,70	e	B	10,81	d	A	4,61
C26	7,14	d	B	7,25	d	B	10,01	e	A	10,78	d	A	3,64

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott (1974). Letras minúsculas distinguem a fonte de variação famílias dentro de cada período de avaliação e letras maiúsculas distinguem a fonte de variação famílias ao longo do tempo.

As famílias C14, C13 e C17 apresentaram as maiores médias nas avaliações de 45 DAS (11,53cm, 11,25cm e 12,37cm, respectivamente) e de 60 DAS (12,8cm, 12,16cm e 12,46cm, respectivamente). Já na avaliação de 75 DAS, as populações C14 e C13 exibiram as maiores médias, 16,56cm e 15,62cm, respectivamente. Na última avaliação, aos 90 DAS, destacou-se a família C14 com 18,23 cm de altura.

Observando o crescimento médio das plantas por família no decorrer do tempo, verifica-se que todas as famílias tiveram crescimento significativo da altura das plantas. Constata-se também que as famílias C14, C15 e C1 tiveram crescimento significativo da altura das plantas em todos os períodos de avaliação, mais uma vez indicando a existência de uma relação entre a sua densidade populacional e o desenvolvimento vegetativo. De acordo com Mariotti (1968), é importante conhecer a correlação entre caracteres dentro das fases de seleção e a 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 e, no caso dos experimentos supracitados, à condução das populações por diferentes métodos.

Para verificar se as diferenças observadas entre os métodos de condução das populações foram estatisticamente significativas, foi aplicada uma análise de grupos de experimento e o teste de Tukey a 5% de probabilidade, apenas para a variável altura de plantas obtida na avaliação final, conforme a tabela 13.

**Tabela 13.** Resumo da análise conjunta de variância para a variável altura de plantas conduzidas pelos métodos clássico e SA de condução de populações.

<b>Fonte de Variação</b>	<b>Graus de liberdade</b>	<b>Quadrado médio</b>
Método de condução	1	211,2789**
Família	18	30,0557**
Interação Método de Condução x Família (M x F)	18	0,0084 <sup>ns</sup>
Resíduo	72	0,8578
Média geral	12,10	
Coefficiente de variação 1 (%)	5,73	

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Observou-se diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F para as fontes de variação método de condução das populações e famílias, não sendo observada diferenças significativas para a interação método de condução x família (M x F). O coeficiente de variação foi 5,73%, sendo considerado bom, o que demonstra ótima precisão experimental para a natureza agrônômica da variável em estudo (Gomes 2009).

Apesar da análise de variância ter detectado resultado significativo para as fontes de variação método de condução e famílias, o teste de Tukey foi aplicado apenas para os métodos de condução, uma vez que os resultados para famílias já foram discutidos com maior riqueza de detalhes anteriormente (Tabela 14).

**Tabela 14.** Comparação dos valores médios da altura de plantas conduzidas pelos métodos clássico e SA pelo teste de Tukey (1953) a 5% de probabilidade.

<b>Método de condução</b>	<b>Altura da planta</b>
Método clássico	13,46a
Método SA	10,74b

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey (1953) a 5% de probabilidade.

De acordo com a tabela 14, as médias das alturas das plantas conduzidas por meio do método clássico apresentaram-se maiores que as conduzidas pelo método SA, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Verifica-se que não existem repostas diferenciadas na classificação das famílias em função do método de condução, ou seja, todas as famílias conduzidas através método clássico apresentaram média de altura estatisticamente maior que as conduzidas pelo método SA. Essa afirmação é comprovada pela ausência de interação significativa entre os métodos de condução e as famílias na análise de variância e confirma a limitação do plantio agrupado apresentada por Skinner et al. (1987) – os quais afirmaram inferioridade do desenvolvimento das plântulas em comparação com o plantio em cova individuais devido a competição entre elas.

A análise de variância conjunta do percentual de mortalidade dos indivíduos dentro das famílias – plantadas no T1 pelos métodos clássico e SA – mostrou que houve diferenças significativa ao nível de 5% de probabilidade para a fonte de variação mortalidade, conforme a tabela 15.

**Tabela 15.** Resultado da análise de variância conjunta das médias da mortalidade dos indivíduos dentro das 19 famílias avaliadas pelos métodos clássico e SA.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Mortalidade (M)	18	8,7741*
Métodos de Plantio (MP)	1	3,4305 <sup>ns</sup>
M x MP	18	3,4343 <sup>ns</sup>
Resíduo	76	4,7164
Média geral (%)		6,0044
Coefficiente de variação (%)		36,1688

\* significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F; <sup>ns</sup> não significativo.

Não foi verificada diferença significativa para as fontes de variação métodos de plantio, nem para a interação M x MP (Tabela 15). Isso indica que conduzir plantas agrupadas não acarreta maior mortalidade a nível de touceiras. Entretanto, pode haver a vantagem de se selecionar maior quantidade de indivíduos por família pela prática da seleção antecipada em colmos já desenvolvidos aos 180 DAP – os quais podem ser direcionados para o plantio de gemas individuais, acelerando a multiplicação inicial.

Salienta-se que, apesar da análise de variância ter mostrado diferenças significativas entre a mortalidade dos indivíduos nas famílias, o teste de Tukey a 5% de probabilidade não foi capaz de detectar tais diferenças. Isso pode estar associado ao valor elevado do erro experimental, o qual pode ser observado no CV%, o qual foi considerado alto (Gomes 2009) (Tabela 15). Entretanto, salienta-se que isso também pode estar associado as populações apresentarem grande variação no número de touceiras mortas entre os blocos em função da segregação, o que pode proporcionar elevação da CV%.

## CONCLUSÕES

A seleção para melhoria do caráter altura das plantas permite identificar as melhores famílias ainda na fase de produção de *seedlings*;

Conduzir populações pelo método clássico favorece o crescimento e maior uniformidade das plantas;

Conduzir populações pelo método SA permite maior aproveitamento de área, das sementes e maior exploração da variabilidade genética;

Os policruzamentos com os genitores femininos IN 84-58 (C14) e PRBIO 371 (C13) e os cruzamentos biparentais PRBIO 353 x PRBIO 273 (C8) e PRBIO 264 x PRBIO 182 (C7) são os mais indicados entre os estudados para novas campanhas de cruzamentos de cana-energia.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Araldi R, Silva FML, Ono EO and Rodrigues JD (2010) Florescimento em cana-de-açúcar. **Ciência Rural** **40**: 694-702.

Barbosa MHP and Silveira LCI (2000) Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **Revista da STAB** **18**: 30-32.

Barbosa MHP, Resende MDV, Bressiani JA, Silveira LCI and Peternelli LA (2005) Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **5**: 443-450.

Barbosa MHP and Silveira LCI (2010) Melhoramento genético e recomendação de cultivares. In Santos F, Borém A and Caldas C (eds) **Cana-de-açúcar: Bioenergia, açúcar e álcool – Tecnologias e perspectivas**. UFV, Viçosa, p. 211-224.

Berding N (1981) Improved flowering and pollen fertility in sugarcane under increased night temperature. **Crop Science 21**: 863-867.

Brasil. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) (1992) **Regras para análise de sementes**. MAPA/ACS, Brasília, 399p.

Brasileiro BP (2013) **Estratégias de seleção em cana-de-açúcar**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 62p.

Cabral FF (2007) **Qualidade fisiológica, determinação do teor de água, e armazenamento de sementes de cana-de-açúcar proveniente de diferentes cruzamentos**. Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Alagoas, Rio Largo, 58p.

Cabral FF, Silva CB, Ferreira VM, Araújo Neto JC and Barbosa GVS (2011) Fertilidade de cruzamentos, potencial fisiológico e armazenamento de sementes de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias 4**: 66-82.

Caieiro JT (2008) **Avaliação da qualidade de sementes (cariopses) de cana-de-açúcar (*saccharum spp.*), como suporte ao melhoramento genético**. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 55p.

Carneiro MS, Rosa JRBF, Barreto FZ, Balsalobre TWA, Chapola RG, Vieira MAS, Bassinello AI and Hoffmann HP (2011) RB965902 and RB965917 Early/medium maturing sugarcane varieties. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 11**: 280-285.

Cesnik R and Miocque J (2004) **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Embrapa Informação Tecnologia, Brasília, 307p.

Cruz CD (2013) GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum 35**: 271-276.

- Daros E, Zambon JLC, Oliveira R and Bespalhok-Filho JC (2010) **Liberação nacional de novas variedades “RB” de cana-de-açúcar**. AJIR, Curitiba, 64p.
- Dinardo-Miranda LL, Vasconcelos ACM and Landell MGA (2010) **Cana-de-açúcar**. Instituto Agronômico, Campinas, 882p.
- Escobar JAD, Resende MDV, Azevedo CF, Silva FF, Barbosa MHP, Nunes ACP, Alves RS and Nascimento M (2018) Teoria de valores extremos e tamanho amostral para o melhoramento genético do quantil máximo em plantas. **Revista Brasileira de Biometria 36**: 108-127.
- Gomes FP (2009) **Curso de estatística experimental**. Fealq, Piracicaba, 451p.
- Köppen W and Geiger R (1928) **Klimate der erde**. Gotha: Verlag Justus Perthes. Wall-map 150 cm x 200 cm.
- Ladd SL, Heinz DJ, Meyer HK and Nishimoto BK. Selection studies in sugarcane (*Saccharum sp.* hybrids). I. Repeatability between selection stages. In: **Proceedings of XV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1974**. ISSCT, Durban, p. 102.
- Lascano OG and Mariotti JA (1970) Estudios de seleccion em la etapa de plantines individuales en cana de azucar (I). Asociaciones fenotipicas entre caracteres em el primer corte. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán 47**: 35-45.
- Mangelsdorf AJ (1953) 'Sugarcane breeding in Hawaii'. **The Hawaiian Planters' Record 54**: 101-162.
- 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.
- Melloni MLG (2012) **Fisiologia do florescimento e viabilidade do grão-de-pólen da cana-de-açúcar (*Saccharum sp.*)**. Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 80p.
- Melo LJOT (2014) **Sistema simplificado de seleção para a fase inicial do melhoramento genético da cana-de-açúcar**. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 142p.
- Moore PH and Nuss KJ (1987) Flowering and flower synchronization. In Heinz DJ (ed.) **Sugarcane Improvement through Breeding**. Elsevier, Aiea, p. 273-311.

Nuss KJ and Berding N Planned recombination in sugarcane breeding: artificial initiation of flowering in sugarcane in subtropical and tropical conditions. In: **Proceedings of XXIII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1999**. ISSCT Impress, New Delhi, p. 202.

Ramos RS, Flôr MF, Soares CR, Silva GC, Melo LJOT and Simões-Neto DE (2019) Caryopsis Germination in Different Methodologies of Energy-sugarcane Crossing (*Saccharum officinarum* L.). **Journal of Experimental Agriculture International 32**: 1-7.

Scott AJ and Knott M (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics 30**: 507-512.

Silva FL, Barbosa MHP, Resende MDV, Peternelli LA and Pedroso CA (2015) Efficiency of selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 15**: 1-9.

Silveira LCI, Barbosa MHP, Kist V, Daros E, Peternelli LAS, Souza VFM, Ribeiro SNN and Vilarinho FM (2012) Sugarcane: cultivar RB937570. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 12**: 160-163.

Simões-Neto DE, Melo LJOT, Chaves A and Lima ROR (2005) **Lançamento de novas variedades RB de cana-de-açúcar**. Imprensa Universitária UFRPE, Recife, 28p.

Simmonds NW (1996) Family selection in plant breeding. **Euphytica 90**: 201-208.

Skinner JC, Hogarth DM and Wu KK (1987) Selection methods, criteria, and indices. In Heinz DJ (ed) **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, Amsterdam, p. 409-453.

Urata R (1969) Seedling propagation and bunch size for field transplanting. In Hawaiian Sugar Planters Association (ed) **Annual Report of Experiment Station**. Hawaiian Sugar Planters Association, Mānoa, p. 1-12.

Vela-Cardenas M and Frey KJ (1972) Optimum environment for maximizing heritability and genetic gain from selection. **Iowa State Journal of Science 46**: 381-394.

### **CAPÍTULO III**

## **SELEÇÃO DE FAMÍLIAS E CLONES DE *SACCHARUM SPP.* PARA OBTENÇÃO DE CANA ENERGIA POR DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO – UMA ABORDAGEM GENOTÍPICA**

## Resumo

Objetivou-se no presente trabalho avaliar a eficiência de seleção de populações de cana-energia conduzidas pelos métodos clássico e seleção antecipada. Os cruzamentos foram realizados na Estação de Floração e Cruzamento de Devaneio e os experimentos instalados na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina. Os ensaios foram conduzidos sob delineamento blocos casualizados. A seleção foi feita pelos métodos massal, Blupis e Blup-seq. Os dados foram submetidos a análise de variância, teste comparativo de médias e reml/blup para teores de fibra. Os dados biométricos – das variáveis número de colmo, estatura média do colmo, diâmetro médio do colmo, massa média da cana e toneladas de cana por hectare – foram avaliados utilizando os modelos mistos REML/BLUPIS e BLUP-seq. A correlação entre a seleção indireta para teores de fibra via brix foi estimada pelo coeficiente de correlação de Spearman. A correlação entre os caracteres avaliados foi estimada pelo coeficiente de correlação de Pearson. A eficiência de seleção de famílias entre os métodos clássico e seleção antecipada foi estimada pelo índice de coincidência de Hamblin e Zimmermann. Verificou-se que a seleção indireta antecipada para elevação dos teores de fibra via teor de sólidos solúveis não se mostra eficiente; houve pouca diferença entre a expressão genotípica das variáveis avaliadas nos métodos clássico e a seleção antecipada; houve pouca diferença entre a expressão genotípica das famílias avaliadas entre os métodos clássico e a seleção antecipada; há indicativo de maiores ganhos genéticos pela seleção prévia de famílias e posterior seleção individual; o planto agrupado dos *seedlings* no método de seleção antecipada favorece a seleção de maior quantitativo de indivíduos dentro das famílias no mesmo espaço físico; as famílias C1, C2, C4, C5, C7, C10, C12, C15 e C16 são as mais indicadas para seleção genotípica para elevação dos teores de fibra; os acessos do Banco ativo de germoplasma Co285, PRBIO150, PRBIO163, PRBIO215, PRBIO221, PRBIO273, PRBIO298, PRBIO353, PRBIO371 e PRBIO392 são os mais indicados para seleção genotípica para elevação dos teores de fibra, podendo ter suas combinações repetidas e/ou recombinadas entre si.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, hibridação, cariopse.

## **Abstract**

The objective of the present study was to evaluate the efficiency of selection of sugarcane users conducted by the classical and early selection methods. The crossings were carried out at the Flowering and Daydream Crossing Station and the experiments installed at the Carpina Sugarcane Experimental Station. The tests were conducted under a randomized block design. The selection was made by massal, Blupis and Blup-seq methods. The data were submitted to analysis of variance, comparative test of means and reml / blup for fiber contents. Biometric data - from the variables stalk number, average stalk height, average stalk diameter, average stalk mass and tons of cane per hectare - were evaluated using the mixed models REML / BLUPIS and BLUP-seq. The correlation between indirect selection for fiber content via brix was estimated by Spearman's correlation coefficient. The correlation between the evaluated characters was estimated by Pearson's correlation coefficient. The efficiency of family selection between the classic and early selection methods was estimated by the Hamblin and Zimmermann coincidence index. It was found that the indirect indirect selection to increase the fiber content via soluble solids content is not efficient; there was little difference between the genotypic expression of the variables evaluated in the classical methods and the advance selection; there was little difference between the genotypic expression of the families evaluated between the classic methods and the advance selection; there is an indication of greater genetic gains from the previous selection of families and subsequent individual selection; the grouped planting of seedlings in the advance selection method favors the selection of a larger number of individuals within families in the same physical space; the C1, C2, C4, C5, C7, C10, C12, C15 and C16 families are the most suitable for genotypic selection to increase fiber levels; the accesses of the active germplasm bank Co285, PRBIO150, PRBIO163, PRBIO215, PRBIO221, PRBIO273, PRBIO298, PRBIO353, PRBIO371 and PRBIO392 are the most suitable for genotypic selection for raising fiber levels, and may have their combinations repeated between and / or repeated itself.

**Keywords:** Genetic improvement, hybridization, karyopsis.

## INTRODUÇÃO

O cultivo da cana-de-açúcar teve grande impulso através do melhoramento genético – que visa a verticalização da produção de modo sustentável. Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar realizam cruzamentos planejados nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) – os quais reúnem e preservam acessos com grande variabilidade genética (Melloni 2012, Melo 2014, Simões-Neto et al. 2005). Entretanto, tais acessos são, majoritariamente, destinados ao desenvolvimento de variedades com alto teor de sacarose e elevada produtividade agrícola, além de aspectos fitossanitários e parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, em detrimento ao teor de fibra.

Contudo, observa-se que o uso da cana-de-açúcar como fonte de biomassa para produção de etanol de segunda geração e de bioeletricidade, entre outros, apresenta alta viabilidade econômica (Costa et al. 2011). Assim, os programas de melhoramento genético têm buscado genótipos com potencial para produção de biomassa. As pesquisas foram direcionadas para obtenção de genótipos com diferentes ideótipos: o tradicional tipo I (açúcar e fibra) e tipo II (principalmente fibra), associados a alta produtividade.

A Estação de Floração e Cruzamento de Devaneio tem buscado acessos com alto teor de fibras, associado a alta produtividade etc. Para tanto, tem reunido indivíduos selecionados por diversas outras universidades integrantes da RIDESA. Tais indivíduos são frutos de gerações de cruzamentos recorrentes envolvendo clones e/ou variedade das espécies *Saccharum Spontaneum*. A introgressão para *S. spontaneum* já comprovou ser um caminho frutífero já que o alvo é a produção total de massa seca, predominantemente fibra (Matsuoka et al. 2010).

Programas de melhoramento na Austrália (Berding and Roach 1987), Barbados (Walker 1971), Índia (Panje 1971), Taiwan (Shang et al. 1968), Louisiana (Dunckelman and Breaux 1968, Legendre and Burner 1995) e Havaí (Heinz 1967) utilizaram cruzamentos envolvendo clones de *S. Spontaneum* como base para introgressão de alelos favoráveis à expressão de maior tolerância a

determinados estresses bióticos e abióticos, tendo como vantagem a geração de híbridos com maior número e peso de colmo e de biomassa (Berding and Roach 1987).

A introgressão conduzida especificamente para se obter produção de biomassa seria mais efetiva, além de reduzir o tempo e o dispêndio de recursos até a liberação da variedade (Alexander 1985, Legendre and Burner 1995, Ming et al. 2006). Salienta-se que é importante manter um programa de seleção recorrente no melhoramento genético da cana-de-açúcar. Assim, os melhores genótipos selecionados podem ser incluídos no banco ativo de germoplasma e participar de novas hibridações, objetivando alto teor de fibras.

Uma vez realizados cruzamentos entre tais indivíduos, faz-se necessário identificar as populações que apresentaram variabilidade genética favorável à obtenção de ganhos genéticos para o caráter teor de fibras. Tradicionalmente, a seleção massal é o método de melhoramento utilizado nas fases de seleção dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar. Entretanto, maiores ganhos seriam obtidos utilizando, inicialmente, a seleção de famílias e, subsequentemente, a seleção individual, principalmente para caracteres que apresentam baixa herdabilidade (Brasileiro 2013). Diversos programas de melhoramento de *Saccharum spp.* e pesquisadores têm optado pela prévia seleção de famílias e posterior obtenção de clones (Kimbeng and Cox 2003, Bressiani 2005, Resende and Barbosa 2005, Resende and Barbosa 2006, Oliveira et al. 2011, Stringer et al. 2011).

Algumas estratégias de seleção de famílias e indivíduos de cana-de-açúcar utilizam modelos mistos (Resende 2002, Oliveira et al. 2011, Stringer et al. 2011, Brasileiro 2013). Destacam-se os métodos *Restricted Maximum Likelihood* (REML) e *Best Linear Unbiased Predictor* (BLUP), REML/BLUP. Nos quais, os componentes de variância são estimados por meio da REML, enquanto as predições dos valores genéticos são obtidas através da BLUP. Por meio do BLUP, os valores fenotípicos são corrigidos para os efeitos ambientais e são ponderados pela herdabilidade do caráter, a qual também é estimada pelo procedimento. Os valores genotípicos preditos pelo método REML/BLUP resultam em inferências mais precisas e acuradas, o que aumenta a eficiência dos programas de melhoramento genético (Resende 2002).

Pesquisas utilizando os métodos BLUP-Sequencial (BLUP-Seq) e o BLUP individual simulado (BLUPIS) têm mostrado resultados satisfatórios (Resende 2002, Oliveira et al. 2011, Stringer et al. 2011, Brasileiro 2013). Segundo Brasileiro (2013), o BLUP-seq é o método que mais contribui com clones de maiores médias para TCH na seleção de T1 e para TPH na seleção de T2, seguido do BLUPIS para seleção indireta via número de colmos, e a menor contribuição é obtida pelo método massal em virtude da maior pressão de seleção, diminuindo as chances de selecionar os melhores genótipos. Salienta-se que a seleção executada na fase T1 é a mais importante para o sucesso do programa de melhoramento, pois, nas fases subsequentes (T2, T3 e FM) não ocorre a inclusão de novos materiais genéticos no processo de seleção.

Outro objetivo do melhoramento genético da cana-de-açúcar é a redução do tempo até a liberação de novas variedades, que leva em média 14 anos e demanda muitos recursos financeiros (Simões Neto et al. 2005). Segundo Melo (2014), é primordial o investimento constante em novas metodologias para caucionar a redução do tempo até a liberação de uma nova cultivar.

Com esse objetivo, o PMGCA-EECAC-UFRPE-RIDESA está trabalhando em novas propostas que visam atender a demanda supracitada. Entre os métodos em desenvolvimento, o método de Seleção Antecipada (SA). Entre as modificações propostas, destaca-se o plantio agrupado de *seedlings* (*bunch* de 10) na fase T1. A escolha entre realizar o plantio individual ou agrupado é influenciada, geralmente, pelo tipo e sistema de cruzamentos, bem como pelo volume de semente produzida. Pode se optar pelo plantio em covas individuais, quando se dispõe de um pequeno quantitativo de sementes. Por sua vez, os principais motivos para a escolha do plantio agrupado são: limitações na disponibilidade de área para o plantio do T1 (Mangelsdorf 1953, Urata 1969, Dinardo-Miranda et al. 2010); quando se dispõe de muitos indivíduos de um cruzamento não testado previamente (Ladd et al. 1974); redução dos custos com a seleção e o favorecimento da seleção de famílias (Dinardo-Miranda et al. 2010).

Por outro lado, o plantio agrupado apresenta os seguintes pontos negativos: necessita de 5 a 20 vezes mais *seedlings* que o plantio em cova individual (Dinardo-Miranda et al. 2010); inferioridade

do desenvolvimento das plântulas em comparação com o plantio em cova individuais devido a competição entre elas (Skinner et al. 1987); baixa disponibilidade de mudas para o plantio da etapa seguinte de seleção (T2) (Dinardo-Miranda et al. 2010).

A intensidade da atuação da seleção natural não se mostra diferente entre o plantio agrupado e o plantio individual (Dinardo-Miranda et al. 2010). Porém, enquanto no plantio em covas individuais a seleção natural atua sob o caráter capacidade de rebrota, no plantio agrupado, além da capacidade de rebrota, sua atuação ocorre sob a capacidade de resistir a competição, impactando sob o desenvolvimento dos *seedlings*, eliminando grande quantidade de indivíduos inferiores e evidenciando as diferenças entre as famílias avaliadas (Urata 1969, Skinner et al. 1987).

Diante do exposto, objetiva-se com o presente trabalho realizar testes preliminares do método de seleção antecipada para seleção de famílias e clones de *Saccharum spp.*, com a finalidade de produzir biomassa (cana-energia); selecionar as melhores progênies na fase inicial do melhoramento visando à obtenção de cana-energia para compor o banco de germoplasma; compreender o potencial do plantio agrupado no método de seleção antecipada; estimar os componentes genéticos das famílias e indivíduos avaliados; avaliar componentes de produção da biomassa, agroindustriais e biométricos para selecionar as melhores famílias e indivíduos de *Saccharum spp.*

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Foram selecionadas 19 famílias de *Saccharum spp.* que apresentaram quantidade de *seedlings* suficientes para representar suas respectivas variabilidades genética na etapa T1 (Silva et al. 2015, Escobar et al. 2018), identificadas na tabela 1.

**Tabela 1.** Identificação dos cruzamentos de cana realizados para avaliação de famílias de cana energia.

Cruzamentos	Genitores		Procedência
	Feminino	Masculino	
C1	PRBIO 392	PRBIO 215	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C2	PRBIO 273	PRBIO 163	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C3	PRBIO 302	PRBIO 298	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C4	PRBIO 298	PRBIO 150	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C5	PRBIO 221	PRBIO 215	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C6	PRBIO 264	PRBIO 182	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C7	PRBIO 353	PRBIO 273	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C8	PRBIO 298	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C9	PRBIO 150	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C10	PRBIO 371	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C11	IN84-58	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C12	Co285	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C13	RB036066	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C14	PRBIO 225	*	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C15	PRBIO 298 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C16	PRBIO 273 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C17	RB036066 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C18	PRBIO 589 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA
C19	PRBIO 392 (X)	-	EFCCD-EECAC-UFRPE/RIDESA

\* Genitor desconhecido; (X) Autofecundação.

As hibridações foram realizadas na Estação de Floração e Cruzamento da Cana-de-açúcar de Devaneio (EFCCD), localizada no Município de Amaraji, Zona da Mata Sul do Estado de Pernambuco (latitude 08°19'8"S, longitude 35°24'893"W e altitude 514m). A precipitação média anual da Região é de 2600 mm, com temperaturas mínimas e máximas de 18,92°C e 28,15°C, respectivamente. De acordo com Köppen (1928), o clima local é tropical com estação seca, classificado como As. Este ambiente é considerado propício ao florescimento da cana-de-açúcar, tornando possível realizar hibridações (Araldi et al. 2010, Berding 1981, Melloni 2012, Moore and Nuss 1987, Nuss and Berding 1999).

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC), pertencente à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) – instituição integrante da Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) – situada no município de Carpina-PE (latitude 07°51'03"S, longitude 35°15'17"W e altitude 184m).

Foram realizados dois experimentos “T1”. O primeiro seguiu a método clássico de seleção, conforme Simões Neto et al. (2005). A parcela experimental foi constituída de 12 *seedlings*, espaçados em 0,5 metros, distribuídos em dois sulcos de três metros, com três repetições. Totalizando 36 *seedlings* por família.

O segundo experimento seguiu o método de seleção antecipada com plantio em *bunche*. A parcela experimental foi constituída de 80 *seedlings*, sendo plantados em conjuntos de 10 *seedlings* por cova – espaçadas em 0,75 metros, em dois sulcos de três metros espaçados em 1,15 m – com três repetições, totalizando 240 *seedlings* por família.

O delineamento experimental adotado para avaliação a nível de família foi o de blocos casualizados. Entretanto, para avaliação a nível de indivíduo, os dados fenotípicos foram arranjados em blocos aumentados (Dias and Barros 2009).

A seleção foi realizada pelos métodos massal, bem como pelos métodos REML/BLUPIS e BLUP-seq para estabelecer os valores genotípicos e verificar qual estratégia de seleção se apresenta mais eficiente. Tais análises foram realizadas com auxílio do Sistema Estatístico e Seleção Genômica Computadorizada – SELEGEM-REML/BLUP.

No método BLUPIS, primeiramente são selecionadas as famílias que apresentam valores genotípicos acima da média geral. Posteriormente, são realizadas as simulações do número de indivíduos que serão selecionados em cada família, levando em consideração a relação entre os valores genotípicos das famílias e o número de indivíduo a ser selecionado na melhor família, conforme o modelo:  $n_k = (\hat{g}_k / \hat{g}_j) / n_j$ , no qual:  $n_k$  é o número de indivíduos ( $n$ ) indicados para seleção em cada família ( $k$ );  $\hat{g}_k$  é o valor genotípico ( $\hat{g}$ ) da família ( $k$ );  $\hat{g}_j$  é o valor genotípico da melhor família e  $n_j$  é o número de indivíduos selecionados na melhor família (Resende and Barbosa 2006).

O BLUP-seq. preconiza que a seleção seja realizada primeiramente a nível de família, selecionando-se 40% das famílias avaliadas e, posteriormente, a nível de indivíduos, praticando a seleção individual apenas nas famílias previamente selecionadas. Nessa estratégia de seleção,

divide-se as famílias que apresentam as maiores médias em quatro grupos. No primeiro e melhor grupo, selecionam-se 40% dos indivíduos de cada família; no segundo, terceiro e quarto grupo, selecionam-se 30%, 20% e 10% dos indivíduos de cada família, respectivamente (Stringer et al. 2011).

Ainda para entender a eficiência de seleção dos diferentes métodos e diferentes estratégias de seleção, utilizou-se o índice de coincidência de Hamblin e Zimmermann (1986) e Coeficiente de Correlação de Spearman ( $P_s$ ). Já para entender o comportamento linear entre as variáveis estudadas, foi utilizado o coeficiente de correlação de Pearson ( $P_p$ ). Tais análises foram realizadas com auxílio do Programa Estatístico Genes.

O coeficiente de correlação de Pearson ( $P_p$ ) foi determinado pelo modelo:  $P_p = \frac{COV(x,y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_x \hat{\sigma}_y}}$ , no qual:  $COV(x,y)$  é a covariância (X, Y);  $\hat{\sigma}_x$  é a variância de X; e  $\hat{\sigma}_y$  é a variância de Y. Posteriormente, para verificar a significância do coeficiente de correlação de Pearson aplica-se o teste t, seguindo o modelo:  $t = \frac{P_p}{\sqrt{(1-P_p^2)}} \sqrt{(n-2)}$ , onde: n é o número de pares (X e Y) e n-2 são os graus de liberdade (Dias and Barros 2009). O coeficiente de correlação de Spearman ( $P_s$ ) foi determinado pelo modelo:  $P_s = 1 - \frac{6 \sum_i d_i^2}{(n^3-n)}$ , no qual: n é o número de pares (X e Y) e  $d_i$  é a diferença de postos entre X e Y. Posteriormente, para verificar a significância do coeficiente de correlação de Spearman aplica-se o teste t, seguindo o modelo:  $t = P_s \sqrt{\frac{n-2}{1-P_s^2}}$ , onde: n é o número de pares (X e Y) e n-2 são os graus de liberdade (Dias and Barros 2009).

O modelo de Hamblin e Zimmermann (1986) é denotado pela expressão  $ES = [(A-C) \div (M-C)] \times 100$ , onde: A é o número de clones selecionados no métodos de seleção antecipada; C é o número de clones selecionados nos dois métodos de seleção ou por acaso, os quais dependem da intensidade de seleção previamente estabelecida. Admite-se que, devido ao acaso, exista coincidência entre o número total de progênies selecionadas e a intensidade de seleção; M é o número de progênies selecionadas no método clássico.

A eficiência de seleção (ES) pode apresentar valores negativos, se os rendimentos forem inversamente relacionados entre os métodos de seleção clássico e SA. Pode apresentar o valor zero, quando o número de genótipos selecionados no método SA não for superior ao número esperado por acaso ou em comum pelos dois métodos. Valor igual a 100% ocorrerá quando o número de genótipos identificados no sistema de seleção alternativo for o mesmo que o número selecionado no sistema de seleção clássico. Valor superior a 100% será verificado, quando o número de clones selecionados pelo método SA for maior que o número de clones selecionados no método clássico (Hamblin and Zimmermann 1986).

As variáveis biométricas mensuradas foram: número de colmos (NC) – contagem do número de colmos industrializáveis; estatura média de 3 colmos por touceira (EMC) – medido do solo até o último *dewlap* visível; diâmetro médio do colmo (DMC) de 3 plantas por touceira – medido no terço médio com auxílio de paquímetro; teor de sólidos solúveis totais – BRIX, mensurado com auxílio de um refratômetro de campo.

Os dados biométricos foram utilizados para estimar a massa média da cana (MMC), a qual foi estimada segundo modelo apresentado por Chang and Milligan (1992):  $MMC = d \times \pi \times EMC \times \left(\frac{DMC}{2}\right)^2 \times \frac{1}{1000}$ , no qual  $d$  é a densidade específica do colmo ( $1,0 \text{ g.cm}^{-3}$ ) e  $\pi$  é expresso pelo valor adimensional aproximado de 3,141593.

A variável toneladas de cana por hectare (TCH) foi estimada por meio da expressão:  $TCH = MMC \times NC \times (10/a)$ , na qual NC é o número de colmos e “a” é área ocupada por cada conjunto de 10 indivíduos. Nesse experimento 1, método clássico, o valor de “a” foi  $0,575 \text{ m}^2$ ; já no caso do experimento 2, seleção antecipada, o valor de “a” foi  $0,8625 \text{ m}^2$ .

De cada parcela foram retiradas amostras para análises agroindustriais, conforme método apresentado por Fernandes (2000), a partir das quais foram estimados o teor de sólidos solúveis totais (BRIX); peso do bolo úmido (PBU) e porcentagem de oligossacarídeos (POL). Tais dados foram utilizados para estimar os valores fibra % (FIB).

Os dados fenotípicos referentes ao teor de fibra, nos dois experimentos, foram submetidos a análise de variância individual e ao teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade. Tais análises foram realizadas com auxílio do Programa Estatístico Genes (Cruz 2013).

## **RESULTADOS E DISCUSSÕES**

Pelo método clássico, dos 684 indivíduos avaliados no método massal, a seleção praticada foi capaz de selecionar 195 indivíduos, representando 28,51% do total. Observou-se que o número de indivíduos selecionados por família foi: C1 (11), C2 (6), C3 (6), C4 (19), C5 (8), C6 (6), C7 (6), C8 (3), C9 (5), C10 (15), C11 (18), C12 (11), C13 (6), C14 (25), C15 (21), C16 (12), C17 (2), C18 (6) e C19 (9). Observa-se que existem indivíduos selecionados em todas as famílias.

A seleção massal praticada na fase T1 em cana-de-açúcar é baseada, principalmente, nas características número de colmos e estatura do colmo. São selecionados aqueles indivíduos que apresentam acima de 9 colmos por touceira e estatura do colmo equivalente ou superior ao visualizado nas variedades utilizada como padrão no experimento. Entretanto, a prática da seleção massal em cana-de-açúcar é semelhante àquela citada por Paterniani e Miranda (1980), seleção massal estratificada geneticamente. Assim, na fase T1 do melhoramento da cana-de-açúcar, os genótipos padrão do experimento são distribuídos ao longo dos blocos para efeito de comparação visual. Uma vez que a acuidade visual humana não é linear, diferentes observadores podem selecionar diferentes indivíduos, principalmente quando os fenótipos são semelhantes e a distância entre os clones é grande.

Para contornar essa limitação, pode-se mensurar as variáveis: número de colmo e estatura média do colmo, pois, tais variáveis são consideradas componentes principais da produtividade na cana-de-açúcar (Silveira 2014, Rocha 2018).

Ao se mensurar as variáveis número de colmos e estatura média do colmo, percebeu-se que a seleção massal foi baseada, principalmente, na variável NC. Pois, todos os indivíduos selecionados apresentaram valor acima de 9 colmos por touceira.

O número de indivíduos selecionados por família diminuiu, quando foi considerado também a variável EMC, evidenciando o problema de acuidade visual e a limitação do método massal. Ao se observar os valores mensurados das variáveis NC e EMC conjuntamente, selecionando-se aqueles indivíduos que apresentaram valores próximos (dentro do erro padrão da média) ou superiores aos apresentados pelos padrões, constatou-se que o número de indivíduos selecionados por família diminuiu, ficando distribuído da seguinte forma: C1 (5), C2 (5), C3 (2), C4 (13), C5 (6), C6 (1), C7 (5), C8 (0), C9 (1), C10 (8), C11 (6), C12 (6), C13 (0), C14 (9), C15 (7), C16 (2), C17 (0), C18 (5) e C19 (3), totalizando 84 indivíduos selecionados oriundos de 16 famílias, representando 12,28%.

Os dados fenotípicos das variáveis biométricas – obtidos no método clássico – foram submetidos a análise REML. Para todas as variáveis analisadas houve enquadramento ao modelo pelo teste de deviance. Para as variáveis NC, EMC, DMC, BRIX e TCH, os quadros médios foram maiores entre as famílias, indicando que tais caracteres podem ser utilizados para a seleção de famílias. Por outro lado, observa-se maior variação dentro das famílias para a variável MMC, indicando que tal caráter pode ser mais indicado para seleção dentro das famílias, conforme a tabela 2.

**Tabela 2.** Análise REML do experimento 1 (Método Clássico) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).

Parâmetros	Quadrado médio					
	NC	EMC	DMC	BRIX	MMC	TCH
<b>Bloco</b>	21,4788	8,4781	46,9779	206,0549	80,9283	946,7846
<b>Família</b>	72,0349	7545,1299	6512,5993	218,0651	401,1576	579,0252
<b>Resíduo</b>	10,8668	334,2650	45,5822	10,3595	143,3112	70,9430
<b>Dentro</b>	52,1605	1604,4721	218,7948	49,7258	687,8939	340,5265
<b>CV<sub>gi</sub>%</b>	42,6396	26,0228	71,9734	37,7679	19,9152	62,2765
<b>CV<sub>e</sub>%</b>	31,1287	9,7043	10,4659	14,6093	25,7169	40,3063
<b>CV<sub>r</sub></b>	1,3698	2,68	6,8769	2,5852	0,7744	1,5451

CV<sub>gi</sub>% – Coeficiente de variação genotípica; CV<sub>e</sub>% – Coeficiente de variação residual; CV<sub>r</sub> – Coeficiente de variação relativa (CV<sub>gi</sub>/ CV<sub>e</sub>%).

O mesmo padrão comportamental é observado ao se analisar os coeficientes de variação genética e residual, corroborando as informações supracitadas. Salienta-se que coeficientes de

variação genética superiores a 10% é indicativo de presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção com ganhos genéticos significativos. Verifica-se, assim, que todas as variáveis mostraram potencial para seleção (Oliveira et al. 2007). Entretanto, o  $CV_r$  para a variável MMC foi inferior a 1, o que evidencia maior influência dos componentes ambientais sobre o caráter. Ressalta-se que a variável MMC é estimada a partir da multiplicação de variáveis poligênicas associadas a produtividade, as quais são fortemente influenciadas pelo ambiente.

Essa afirmação é corroborada pelas estimativas dos componentes de variância via modelos lineares mistos REML/BLUP (REML/GLS) exibida na tabela 3.

**Tabela 3.** Estimativas dos componentes de variância via modelos lineares mistos REML/BLUP (REML/GLS) do experimento 1 (Método Clássico) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).

Parâmetros	Caracteres					
	NC	EMC	DMC	BRIX	MMC	TCH
$\hat{\sigma}_g^2$	20,39	2403,62	2155,67	69,24	85,95	169,36
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	6,52	200,56	27,35	6,22	85,99	42,57
$C^2_{parc}$	0,08	0,60	0,01	0,05	0,10	0,08
$h_g^2$	0,26	0,57	0,90	0,55	0,10	0,30
$h_{mc}^2$	0,85	0,96	0,99	0,95	0,64	0,88
<b>Acurácia</b>	0,92	0,98	0,99	0,98	0,80	0,94
<b>CVe%</b>	31,13	9,70	10,47	14,61	25,72	40,31
<b>Média geral</b>	10,59	188,40	64,51	22,03	46,55	20,90

$\hat{\sigma}_g^2$  - Variâncias genotípicas;  $\hat{\sigma}_{parc}^2$  - variâncias ambientais entre parcelas;  $C^2_{parc}$  - coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;  $h_g^2$  - Herdabilidade individual no sentido amplo;  $h_{mc}^2$  - Herdabilidade média de genótipo.

As variâncias genotípicas ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) observadas foram também maiores que as variâncias ambientais entre parcelas, ou seja, entre as famílias, para as variáveis NC, EMC, DMC, BRIX e TCH. Para a variável MMC, a variância ambiental entre parcelas foi maior que a variância genotípica. Verifica-se que a variabilidade genética existente entre e dentro das populações é, de fato, suficientemente grande para prática da seleção a nível de famílias. Para escolher a melhor estratégia de seleção de famílias e clones, estimou-se a porção herdável dos efeitos genotípicos (Tabela 3).

As estimativas de herdabilidade individual no sentido amplo ( $h_g^2$ ), ou seja, dos efeitos genotípicos totais, mostraram que a seleção para os caracteres NC (0,26) e MMC (0,10), isoladamente, apresentaria baixa eficiência, pois suas herdabilidades foram de baixa magnitude. Resultados e afirmações semelhantes foram apresentados por Oliveira et al. (2007) para o caractere NC (0,10). Já para a MMC, os autores verificaram que a  $h_g^2$  foi de média magnitude (0,36), porém, a herdabilidade no sentido restrito foi baixa (0,05), o que dificulta a seleção baseada nesse caráter. A mesma afirmação pode ser feita para variável TCH (0,30) em função da sua natureza poligênica e do alto nível de complexidade genética da Espécie (Tabela 3).

A seleção para os caracteres EMC (0,57), DMC (0,90) e BRIX (0,55) se mostraria mais eficiente, pois, as herdabilidades média das famílias no sentido amplo podem ser consideradas de média magnitude para EMC e BRIX, e de alta magnitude para DMC, com ótima acurácia seletiva entre as famílias (>0,90) (Tabela 3). Segundo Resende (2002) tais valores permitem a seleção de famílias promissoras, com precisão adequada entre os valores preditos e os valores verdadeiros. Oliveira et al. (2007) também identificaram que a seleção para o caráter BRIX (0,69) seria promissora.

As estimativas de herdabilidade média de genótipo ( $h_{mc}^2$ ) mostraram que a seleção traria resultados efetivos para todas as variáveis estudadas. Pois, as  $h_{mc}^2$  apresentadas foram de alta magnitude (NC=0,85; EMC=0,96; DMC=0,99, BRIX=0,95, MMC=0,64 e TCH=0,88) (Tabela 3).

Realizar a seleção a nível de família seguido da seleção individual seria mais eficiente (Tabela 3). Tais resultados corroboram com os apresentados por Bressiani (2005), Brasileiro (2013), Kimbeng e Cox (2003), Resende e Barbosa (2005; 2006), Oliveira et al. (2011) e Stringer et al. (2011).

Para indicar as melhores famílias, foram estimados os valores genotípicos componentes da média BLUP para todas as variáveis (Tabela 4).

**Tabela 4.** Valor genotípico da média BLUP de 19 famílias e duas variedades do experimento 1 (Método Clássico) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).

Famílias	NC	EMC	DMC	BRIX	MMC	TCH
C1	-2,3691	22,4324	-18,7975	-0,1580	12,1745	-0,2203
C2	-2,4948	51,7881	-22,6111	1,5541	0,4961	-4,1718
C3	-0,7139	-7,5888	-19,3218	-1,1503	3,3502	-2,9599
C4	1,1324	60,1352	-13,7370	-2,6996	-5,7433	-5,8758
C5	1,1846	30,7541	-4,6765	-0,4803	-5,6313	-3,3412
C6	-1,4929	9,9814	-11,1047	-5,4196	6,7066	-3,2466
C7	-0,7184	18,6005	-15,8013	1,1141	-0,5932	-2,4101
C8	-3,0051	-25,9477	-14,1338	-2,8136	-1,0270	-0,8118
C9	-4,1743	1,8278	-20,5537	-0,4202	7,6927	-3,4269
C10	0,5869	40,3626	-17,6138	0,3197	6,2260	8,7247
C11	3,8718	22,1913	-11,8619	-4,2865	2,2011	-6,6054
C12	0,4936	24,0666	-15,4924	-1,0335	-0,3876	-2,2718
C13	-3,1581	-20,1264	-7,6646	-7,1314	-1,9094	-2,1584
C14	14,9671	12,2278	-16,6022	-11,8064	8,1337	-11,7139
C15	3,1125	23,2604	-14,6616	0,3612	-5,4808	-6,6001
C16	3,3403	-16,0974	-20,4310	-1,5055	1,3089	-3,4283
C17	-5,0747	-28,9168	-3,8024	-0,2346	8,0803	-0,4329
C18	-4,6192	14,4300	-12,5724	-0,2664	1,2061	-3,0185
C19	-0,6753	20,0014	-10,5574	0,6935	-0,7866	-9,5058
RB041443	-0,2395	-127,6983	162,6991	32,6506	-21,1759	48,0841
RB863129	0,0462	-125,6842	109,2980	2,7126	-14,8413	15,6606

Para a variável NC, as famílias C4, C5, C10, C11, C12, C14, C15 e C16 apresentaram valores genotípicos positivos, destacando-se a famílias C14 (14,96), C11 (3,87), C16 (3,34) e C15 (3,11). Já o padrão RB863129 apresentou valor genotípico considerado nulo, estando intimamente associado ao valor genotípico médio estimado. As famílias C1, C2, C3, C6, C7, C8, C9, C13, C17, C18 e C19, assim como a variedade RB041443, apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental (Tabela 4).

Para a variável EMC, as famílias C1, C2, C4, C5, C6, C7, C9, C10, C11, C12, C14, C15, C18 e C19 apresentaram valores genotípicos positivos. As famílias C3, C8, C13, C16 e C17, assim como as variedades RB863129 e RB041443, apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental (tabela 4).

A partir da observação em conjunto das variáveis NC e EMC, pode-se verificar que apenas as famílias C4, C5, C10, C11, C12, C14 e C15 apresentam valores genotípicos positivos para ambas as variáveis. Logo, a probabilidade de se obter ganhos genéticos para produtividade, via seleção indireta, seria maximizada. Salienta-se que a acurácia seletiva observada para as variáveis NC (0,92) e EMC (0,98) foi de alta magnitude (Tabela 4).

As variedades RB041443 e RB863129 foram as únicas a apresentarem valores genotípicos positivos para variável DMC (tabela 4). Os padrões do experimento foram obtidos de cruzamentos com *S. Officinarum* – os quais tendem a apresentar maior diâmetro que os indivíduos descendentes de cruzamentos com *S. spontaneum*. Além disso, tais clones foram propagados vegetativamente, sendo a variação observada de natureza ambiental. Já as famílias avaliadas, apresentam segregação. Salienta-se que, entre as variáveis estudadas, o diâmetro é a que apresentou a maior herdabilidade genética.

Quanto aos caracteres industriais, para o BRIX, as famílias C2, C7, C10, C15 e C19, bem como RB041443 e RB863129, apresentaram valores genotípicos positivos. As famílias C1, C3, C4, C5, C6, C8, C9, C11, C12, C13, C14, C16, C17 e C18 apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental.

As famílias C1, C2, C3, C6, C9, C10, C11, C14, C16, C17 e C18 apresentaram valores genotípicos positivos para a variável MMC. Já as famílias C4, C5, C7, C8, C11, C12, C13, C15 e C19, bem como as variedades RB041443 e RB863129 apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental (Tabela 4).

Valores genotípicos positivos foram observados na família C10 e nas variedades RB041443 e RB863129 para a variável TCH. Enquanto as famílias C1, C2, C3, C4, C5, C6, C7, C8, C9, C11, C12, C13, C14, C15, C16, C17, C18 e C19 apresentaram valores genotípicos negativos (Tabela 4).

Entre as variáveis estudadas, maiores ganhos genéticos seriam obtidos para as variáveis EMC e MMC, seguido do número de colmo. Pois, houve grande número de famílias com valores genotípicos positivo preditos, o que permite maior exploração da variabilidade genética de tais

famílias. Salienta-se que a probabilidade de se identificar já na fase T1 famílias e/ou genótipos promissores para TCH é baixa. Isso ocorre em função da natureza poligênica do caráter e da alta complexidade genética de *Saccharum*. Entretanto, recomenda-se a seleção indireta a partir de tais caracteres secundários – que compõem a produtividade (EMC, MMC e NC) – para aumentar a probabilidade de se obter clones superiores nas fases subsequentes de seleção.

Observando as variáveis DMC e BRIX, constata-se que os genótipos padrão (RB041443 e RB863129) apresentaram os maiores valores genotípicos. Tais variedades comerciais foram selecionadas, originalmente, visando a verticalização da produtividade agroindustrial e tem como genitores acessos descendentes de *Saccharum officinarum* L. Tal espécie foi a que mais contribuiu para elevação dos teores de açúcares no colmo. Salienta-se, ainda, que toda variação observada nos padrões é de ordem ambiental por se tratar de uma espécie propagada vegetativamente.

Segundo Costa et al. (2011), o BRIX é uma das características qualitativas mais importantes para expressão do rendimento em açúcar. Quando o objetivo do programa de melhoramento é a seleção de variedades tipo I, o BRIX pode ser utilizado como parâmetro para seleção indireta (Segato et al. 2006). Isso ocorre porque existe correlação positiva entre o diâmetro do colmo e o teor de sólidos solúveis (Maia Junior et al. 2018). Assim, a espessura do colmo pode influenciar no teor de sacarose, pois, o teor de açúcar está ligado diretamente à capacidade das células parenquimatosas dos colmos de reservar açúcares (Dias et al. 2012).

Entretanto, as famílias avaliadas no presente estudo foram oriundas de cruzamentos entre acessos de *S. spontaneum*. Tais acessos apresentam colmos finos, alto teor de fibras e baixo teor de açúcar (James 1980, Mozambani et al. 2006, Scarpari and Beauclair 2010). Como os cruzamentos foram realizados objetivando a elevação dos teores de fibra, ou seja, a seleção de cana tipo II, há a indicação na literatura que a variável BRIX pode ser usada para seleção indireta para o caráter teor de fibras. Isso ocorre em função da correlação positiva entre o diâmetro do colmo e o teor de sólidos solúveis; e a correlação negativa entre as variáveis BRIX e o número de colmos (Maia Junior et al. 2018). Segundo Dias et al. (2012), colmos de menor diâmetro apresentam menor

capacidade de reservar açúcares. A redução no BRIX também pode ocorrer devido ao maior gasto de fotoassimilados durante o desenvolvimento dos numerosos perfilhos (Oliveira et al. 2004).

Assim, as famílias que apresentaram os menores valores genotípicos, para variável BRIX, poderiam ser as mais indicadas para a seleção indireta para teores de fibra. Nesse caso, destaca-se a família C14 (-11,81), a qual também apresentou o maior valor genotípico para a variável NC (14,97), valor genotípico positivo para EMC (12,23) e valor genotípico negativo para DMC (-16,60) (Tabela 4). Isso vai de acordo com as correlações apresentadas, as quais indicam que genótipos – com baixo teor de sólidos solúveis – podem ser selecionados em populações que apresentem elevado perfilhamento e menor diâmetro.

Entretanto, ao se estimar as correlações genotípicas entre as variáveis estudadas no experimento 1 – método clássico, verificou-se que: a variável NC não apresentou correlação significativa, pelo teste t, com nenhuma das variáveis (Tabela 5).

**Tabela 5.** Correlações genotípicas entre as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC); sólidos solúveis totais (BRIX); massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH) do experimento 1 – método clássico.

<b>Variáveis</b>	<b>Correlação</b>	<b>Probabilidade</b>
NC x EMC	0,0696	76,1719 <sup>ns</sup>
NC x DMC	-0,0258	90,7787 <sup>ns</sup>
NC x BRIX	-0,2439	28,6886 <sup>ns</sup>
NC x MMC	0,0017	99,0103 <sup>ns</sup>
NC x TCH	-0,1750	45,3711 <sup>ns</sup>
EMC x DMC	-0,8844	0,0000 <sup>**</sup>
EMC x BRIX	-0,6056	0,3641 <sup>**</sup>
EMC x MMC	0,5880	0,5010 <sup>**</sup>
EMC x TCH	-0,7640	0,0071 <sup>**</sup>
DMC x BRIX	0,8017	0,0018 <sup>**</sup>
DMC x MMC	-0,7923	0,0025 <sup>**</sup>
DMC x TCH	0,9071	0,0000 <sup>**</sup>
BRIX x MMC	-0,6695	0,0968 <sup>**</sup>
BRIX x TCH	0,9017	0,0000 <sup>**</sup>
MMC x TCH	-0,6602	0,1194 <sup>**</sup>

\*\* e \* - significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t; ns - não significativo.

A ausência de correlação genética pode estar associada a origem parental das progênes – cruzamentos com *S. spontaneum* – bem como pela expressão poligênica influenciada pelo ambiente, indicando que as correlações fenotípicas significativas são de ordem ambiental. Assim, se faz necessário realizar mais estudos para melhor compreender a correlação entre as variáveis em progênes oriundas de tais cruzamentos.

A variável EMC se correlaciona negativamente com DMC, BRIX e TCH. Entende-se que quanto maior for a expressão genotípica para a altura colmo, menor a expressão genotípica do diâmetro e do BRIX (Tabela 5). A correlação negativa da EMC com a TCH pode ocorrer em função da menor espessura do colmo e da menor participação do teor de sólidos solúveis – o qual tem densidade aproximada de 0,9 g/cm<sup>3</sup> e representa, aproximadamente 10% do peso total do colmo. Salienta-se que pode ocorrer também em função da natureza genética das progênes avaliadas, bem como das estimativas indiretas para a produtividade, da ausência de correlação significativa com o número de colmo ou mesmo ao acaso. Faz necessários estudos mais detalhados para melhor entender tais correlações.

Contudo, a EMC se apresenta positivamente correlacionada com a estimativa da MMC (Tabela 5). Entretanto, a estimativa da MMC utiliza a EMC como vetor multiplicativo para composição da “área” ocupada pelo colmo, justificando a correlação.

A variável DMC está positivamente correlacionada com o BRIX e com a TCH. Segundo Dias et al. (2012), colmos de menor diâmetro apresentam menor capacidade de reservar açúcares, estando o teor de açúcar está ligado diretamente à capacidade das células parenquimatosas dos colmos de reservar açúcares. A correlação positiva entre o DMC e a TCH pode ocorrer em função da maior espessura do colmo, o que permite maior participação do teor de sólidos solúveis – o qual tem densidade aproximada de 0,9 g/cm<sup>3</sup> e representa, aproximadamente 10% do peso total do colmo – bem como pela forma de estimativa indireta dos dados de produtividade. Isso é reforçado ao se observar a correção positiva significativa entre o BRIX e a TCH (0,90).

A correlação negativa significativa entre o BRIX e a MMC é causada pela ausência de participação do BRIX na estimativa da MMC, a qual representa a área ocupada pelo colmo acrescida da densidade 1 g/cm<sup>3</sup>. Assim, para confirmar a efetividade da seleção indireta para o teor de fibras, promoveu-se a análise de correlação entre os dados fenotípicos das variáveis BRIX e fibra%, bem como entre os dados genotípicos, conforme tabela 6.

**Tabela 6.** Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis sólidos solúveis totais (BRIX) e FIBRA%.

<b>Variáveis</b>	<b>Correlação</b>	<b>Probabilidade</b>
BRIX% <sub>f</sub> x FIBRA% <sub>f</sub>	-0,4713	2,9631 *
BRIX <sub>g</sub> x FIBRA <sub>g</sub>	0,4723	2,9226 *

\*\* e \* - significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t; ns - não significativo

Os dados fenotípicos mostraram que existe correlação negativa (-0,4713), significativa ao nível de 5% de probabilidade, entre os teores de sólidos solúveis e os teores de fibra. Porém, quando os dados genotípicos foram correlacionados, verificou-se correlação positiva (0,4727) entre as variáveis. As correlações observadas são de média magnitude, indicando que a seleção indireta fenotípica e genotípica apresentaria baixa eficiência.

A análise de variância dos dados fenotípicos não demonstrou diferenças significativas. Por sua vez, os dados genotípicos apresentaram diferenças significativas. Assim, verifica-se que a seleção direta permitiria ganhos genéticos expressivos, conforme a tabela 7.

**Tabela 7.** Médias fenotípicas e predição dos valores genotípicos BLUP para variável fibra%.

Famílias	g	u+g	Ganho	Nova média	FIBRA%	
RB863129	6,6555	15,8043	6,6555	15,8043	14,23	a
C15	4,6503	13,7992	5,6529	14,8017	13,49	a
RB041443	3,6478	12,7966	4,9845	14,1333	14,96	a
C5	2,8958	12,0447	4,4624	13,6112	15,00	a
C7	2,1439	11,2927	3,9987	13,1475	14,89	a
C4	1,6426	10,7914	3,6060	12,7548	17,10	a
C10	1,3920	10,5408	3,2897	12,4385	17,61	a
C16	1,3920	10,5408	3,0525	12,2013	15,70	a
C12	1,1413	10,2901	2,8401	11,9889	14,34	a
C2	0,6400	9,7889	2,6201	11,7689	16,69	a
C3	-0,3626	8,7863	2,3490	11,4978	15,28	a
C11	-0,6132	8,5356	2,1021	11,2509	16,73	a
C19	-0,6132	8,5356	1,8932	11,0420	15,74	a
C6	-0,8639	8,2850	1,6963	10,8451	13,50	a
C1	-1,2150	7,8574	1,4971	10,6459	15,65	a
C9	-2,8690	6,2798	1,2242	10,3730	16,20	a
C17	-3,3495	5,7993	0,9552	10,1040	15,11	a
C18	-3,3703	5,7785	0,7149	9,8637	16,46	a
C8	-3,8716	5,2772	0,4735	9,6223	14,72	a
C14	-4,1222	5,0266	0,2437	9,3925	17,37	a
C13	-4,8742	4,2747	0,0000	9,1488	15,63	a

Para variável fibra, foi verificado que as famílias C2, C4, C5, C7, C10, C12, C15 e C16, bem como as variedades RB863129 e RB041443, apresentaram valores genotípicos positivos. Já as famílias C1, C3, C6, C8, C9, C11, C13, C14, C17, C18 e C19 apresentaram valores genotípicos negativos, estando abaixo da média experimental e, conseqüentemente, apresentando baixa probabilidade de seleção (Tabela 7).

A metodologia BLUPIS preconiza que a seleção individuais seja praticada, apenas, em famílias com efeitos genotípicos positivos. Pois, tais famílias apresentam média superiores à média geral do experimento, aumentando a probabilidade de seleção de clones promissores (Resende and Barbosa 2005, Resende and Barbosa 2006). O número total de indivíduos indicados à seleção foi 58, sendo os indivíduos selecionados nas 8 famílias com efeitos genotípicos positivos (Tabela 8).

**Tabela 8.** Número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias (nk) via métodos BLUPIS e BLUP-Seq para variável FIBRA.

<b>Famílias</b>	<b>Blupis</b>	<b>Blup-Seq</b>	<b>Nova média blup</b>	<b>Fibra média da família</b>
C15	17	14	14,8017	13,49
C5	11	14	13,6112	15,00
C7	8	11	13,1475	14,89
C4	6	11	12,7548	17,10
C10	5	7	12,4385	17,61
C16	5	7	12,2013	15,70
C12	4	4	11,9889	14,34
C2	2	4	11,7689	16,69
<b>Total</b>	<b>58</b>	<b>72</b>		

Observa-se que o número total de indivíduos (42) indicados à seleção nas 4 famílias com maiores valores genotípicos (C4, C5, C7 e C15) representa aproximadamente 72% do total de indivíduos indicados pelo BLUPIS (Tabela 8). Oliveira et al. (2011), utilizando o BLUPIS para seleção de famílias e clones, verificaram que, dos 800 indivíduos avaliados, 343 foram indicados à seleção, os quais foram selecionados em 29 famílias com efeitos genotípicos positivos do total de 80 famílias avaliadas. Em seu trabalho, os pesquisadores observaram que 154 indivíduos foram selecionados nas cinco melhores famílias, o que representa aproximadamente 45% do total de indivíduos indicados pelo BLUPIS. De acordo com Oliveira et al. (2007), pode-se aumentar o número de *seedlings* plantados no T1 dessas famílias para melhor aproveitar suas variabilidades genética, aumentando a probabilidade de selecionar clones superiores.

Já o BLUP-seq preconiza que a seleção seja realizada primeiramente a nível de família, selecionando-se 40% das famílias avaliadas. Nesse caso, assim como pelo BLUPIS, foram selecionadas 8 famílias (C2, C4, C5, C7, C10, C12, C15 e C16) (Tabela 8).

A seleção individual foi praticada dividindo as famílias em quatro grupos, selecionando-se 40%, 30%, 20% e 10% dos indivíduos de cada família em cada grupo, respectivamente (Stringer et al. 2011). O número total de indivíduos indicados à seleção foi 72. Observa-se que o número total de indivíduos (50) indicados à seleção pelo BLUP-Seq nas 4 famílias com maiores valores genotípicos (C4, C5, C7 e C15) representa aproximadamente 69% do total (Tabela 8).

O índice de coincidência de Hamblin e Zimmermann (1986) mostrou que, para as famílias selecionadas nas diferentes estratégias, das 19 famílias avaliadas, os métodos Blupis e Blup-seq tiveram 100% de coincidência, selecionando 8 famílias. Já quando os métodos Blupis e Blup-seq foram comparados com o método massal, o índice de coincidência obtido foi de 47,08%, indicando que a seleção massal apresenta baixa eficiência de seleção. Tais afirmações vão de acordo com Brasileiro (2013), o qual afirma que os métodos BLUPIS e BLUP-seq são mais eficientes que o método massal em virtude da maior pressão de seleção, diminuindo as chances de selecionar os melhores genótipos. Salienta-se que a seleção via modelos mistos favorece a predição dos ganhos genéticos com a seleção.

Observa-se que na seleção praticada pelo método clássico, dos 84 indivíduos selecionados, apenas 31 indivíduos foram selecionados nas quatro famílias com maiores efeitos genotípicos (C15, C5, C7 e C4). Oliveira et al. (2011) notaram que o número total de indivíduos selecionados pelo método massal (119) apenas nas famílias com efeitos genotípicos positivos (29) foi inferior aos indicados na seleção via BLUPIS (343). Os autores salientaram que a seleção massal é feita a partir de componentes indiretos de produção, podendo levar a menor eficiência seletiva. Salientaram, ainda, que grande parte dos genótipos foram obtidos nas famílias com efeito genotípico negativo (639 genótipos).

Pelo método de seleção antecipada, dos 4560 indivíduos avaliados, a seleção massal praticada foi capaz de selecionar 447 indivíduos, representando 9,8% do total. Observa-se que existem indivíduos selecionados em todas as famílias, assim distribuídos: C1 (42), C2 (15), C3 (24), C4 (21), C5 (18), C6 (12), C7 (12), C8 (24), C9 (27), C10 (21), C11 (39), C12 (27), C13 (30), C14 (39), C15 (30), C16 (15), C17 (15), C18 (15) e C19 (21). Salienta-se que o quantitativo de indivíduos selecionados no método SA foi 129,23% maior que no método clássico, sendo selecionados no mesmo espaço físico e com redução dos custos operacionais. Entretanto, o método tem a limitação de permitir a propagação de baixo volume de semente de cada indivíduo

selecionado. Para contornar essa limitação, pode-se utilizar o plantio de gemas individualizadas para ganhar volume de sementes na próxima fase de seleção.

Os dados fenotípicos das variáveis biométricas mensurados foram submetidos a análise REML, conforme a tabela 9. Para todas as variáveis analisadas foram verificadas enquadramento ao modelo pelo teste de deviance.

**Tabela 9.** Análise REML do experimento 2 (método SA) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).

Parâmetros	Quadrado médio					
	NC	EMC	DMC	BRIX	MMC	TCH
<b>Bloco</b>	23,9329	3229,4700	441,8346	27,6874	42,7210	887,6769
<b>Família</b>	37,5814	6573,8414	8834,9080	125,7326	295,8543	329,8656
<b>Resíduo</b>	11,4622	444,1615	107,4507	9,8143	174,3082	37,2880
<b>Dentro</b>	45,8489	1776,6619	429,8029	39,2574	697,2330	148,1521
<b>CV<sub>gi</sub>%</b>	24,98	28,13	76,79	28,19	13,1673	47,5429
<b>CV<sub>e</sub>%</b>	28,66	13,11	14,76	14,21	27,3114	29,3975
<b>CV<sub>r</sub></b>	0,87	2,14	5,20	1,98	0,4821	1,6172

\* significativo pelo teste de deviance. CV<sub>gi</sub>% – Coeficiente de variação genotípica; CV<sub>e</sub>% – Coeficiente de variação residual; CV<sub>r</sub> – Coeficiente de variação relativa (CV<sub>gi</sub>/ CV<sub>e</sub>%).

Para as variáveis EMC, DMC, BRIX e TCH os quadrados médios indicam maior variação entre as famílias, indicando que tais caracteres podem ser mais indicados para a seleção de famílias. Por outro lado, observa-se maior variação dentro das famílias para a variável NC e MMC, indicando que tais caracteres podem ser mais indicados para seleção dentro das famílias (Tabela 9). Salienta-se que a resposta diferenciada da expressão genotípica do caráter NC foi influenciada pela competição entre os *seedlings* plantados em grupo.

O mesmo padrão comportamental é observado ao se analisar os coeficientes de variação genética e residual, corroborando as informações supracitadas (Tabela 9). Ao se adensar o plantio, houve maior influência do componente ambiental sobre a expressão genotípica do caráter NC.

Salienta-se que coeficientes de variação genética superiores a 10% é indicativo de presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção. Verifica-se, assim, que todas as variáveis mostraram potencial para seleção (Oliveira et al. 2007). Entretanto, o CV<sub>r</sub> para a variável NC foi

inferior a 1, o que limita a seleção baseada isoladamente nesse carácter. Já a seleção isolada para MMC pode apresentar baixa eficiência, pois, o  $CV_r$  observado foi muito inferior a 1, o que evidencia maior influência dos componentes ambientais sobre o carácter, estando relacionada com a natureza poligênica do carácter e a competição entre as plantas em função do adensamento do plantio.

As estimativas dos componentes de variância via modelos lineares mistos REML/BLUP (REML/GLS) corroboram com as afirmações supracitadas (Tabela 10).

**Tabela 10.** Estimativas dos componentes de variância via modelos lineares mistos REML/BLUP (REML/GLS) do experimento 2 (método SA) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).

Parâmetros	Caracteres					
	NC	EMC	DMC	BRIX	MMC	TCH
$\hat{\sigma}_g^2$	8,71	2043,23	2909,15	28,63	40,21	97,53
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	5,73	222,08	53,73	4,91	87,15	18,64
$C^2_{parc}$	0,10	0,05	0,02	0,06	0,11	0,07
$h_g^2$	0,14	0,51	0,86	0,47	0,05	0,37
$h_{mc}^2$	0,70	0,93	0,99	0,92	0,41	0,89
<b>Acurácia</b>	0,83	0,97	0,99	0,96	0,64	0,94
<b>CVe%</b>	28,66	13,11	14,76	14,2	27,31	29,39
<b>Média geral</b>	11,81	160,7	70,24	22,05	48,34	20,77

$\hat{\sigma}_g^2$  - Variâncias genótípicas;  $\hat{\sigma}_{parc}^2$  - variâncias ambientais entre parcelas;  $C^2_{parc}$  - coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;  $h_g^2$  - Herdabilidade individual no sentido amplo;  $h_{mc}^2$  - Herdabilidade média de genótipo.

Observa-se na tabela 10 que a variância genotípica ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) foi maior que a variância ambiental entre parcelas, ou seja, entre as famílias, para as variáveis NC, EMC, DMC, BRIX e TCH. Verifica-se que a variabilidade genética existente entre e dentro das populações é, de fato, suficientemente grande para prática da seleção. Há também o indicativo que maiores ganhos seriam obtidos pela prática de seleção a nível de família e, posteriormente, a nível de indivíduo.

Para melhor entender as estratégias de seleção de famílias e clones, estimou-se a porção herdável dos efeitos genotípicos. As estimativas de herdabilidade individual no sentido amplo ( $h_g^2$ ),

ou seja, dos efeitos genotípicos totais, mostraram que a seleção para o carácter NC (0,14) apresentaria baixa eficiência, pois, sua herdabilidade foi de baixa magnitude (Tabela 10). Resultados e afirmações semelhantes foram apresentados por Oliveira et al. (2007) para o caractere NC (0,10).

A seleção para os caracteres EMC (0,51), DMC (0,86) e BRIX (0,47) se mostraria mais eficiente. Oliveira et al. (2007) também identificaram que a seleção para o carácter BRIX (0,69) seria promissora (Tabela 10).

As estimativas de herdabilidade média de genótipo ( $h_{mc}^2$ ) mostraram que a seleção traria resultados efetivos para todas as variáveis estudadas. Pois, as  $h_{mc}^2$  foram consideradas de média a alta magnitude (NC=0,70; EMC=0,93; DMC=0,99; BRIX=0,92; MMC=0,41 e TCH=0,89) (Tabela 10).

A tabela 10 mostra que maiores ganhos genéticos seriam obtidos pela seleção de família seguida da seleção individual. Ao se realizar a seleção indireta, a nível de família, aumenta-se a probabilidades de identificar clones também superiores. Isso porque o valor genotípico e a sua porção herdável já estão estabelecidos pelo método REML/BLUP, facilitando a predição dos ganhos genéticos. Tais resultados vão ao encontro dos achados de Bressiani (2005), Brasileiro (2013), Kimbeng e Cox (2003), Resende e Barbosa (2005; 2006), Oliveira et al. (2011) e Stringer et al. (2011).

Para indicar as melhores famílias, foram estimados os valores genotípicos componentes de média BLUP para todas as variáveis (tabela 11).

**Tabela 11.** Valor genotípico da média BLUP de 19 famílias e duas variedades do experimento 2 (método SA) para as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC), sólidos solúveis totais (BRIX), massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH).

<b>Famílias</b>	<b>NC</b>	<b>EMC</b>	<b>DMC</b>	<b>BRIX</b>	<b>MMC</b>	<b>TCH</b>
C1	-0,4719	41,7111	-20,8013	-0,3265	2,9173	-1,6036
C2	-0,1893	57,9584	-12,9278	-0,3344	1,2098	-2,6005
C3	-2,3782	17,8711	-19,3076	-1,7209	4,5158	-1,1625
C4	0,0283	38,0302	-11,1412	-1,2377	-1,1439	-1,2527
C5	-0,1521	-1,4301	-14,5870	1,4816	-3,3015	-0,2604
C6	0,8661	0,7634	-8,3292	-1,8527	-2,2743	-3,1483
C7	-3,4657	-13,8165	-16,5171	-0,6644	4,8666	-3,2535
C8	0,6481	4,8833	-17,3692	-2,3615	-2,7066	-4,7593
C9	0,3314	-10,7727	-12,0634	-0,3613	4,3999	-0,4842
C10	-0,9669	43,3582	-22,3180	2,4664	-1,4223	-4,8966
C11	0,2230	30,9439	-10,0717	-2,9187	-0,6997	-5,1417
C12	0,9083	-9,0916	-23,0036	0,2757	-1,7574	0,6027
C13	-1,0983	14,9046	-21,4755	-2,5547	7,6966	0,2948
C14	8,4108	-41,0407	-15,2145	-11,1819	2,3959	-11,2728
C15	2,0399	64,9202	-22,1056	-0,3518	-0,5842	-6,9842
C16	2,5700	0,8505	-11,1743	-3,7208	0,6113	-3,8768
C17	-3,1774	-26,5696	-19,5326	-0,3471	2,0289	3,2041
C18	-0,4422	-34,6873	-21,1987	-3,6278	2,1158	-1,7028
C19	-1,1845	17,6949	-15,5520	-1,1216	-3,4083	-4,1512
RB041443	-1,1445	-95,7802	187,6805	20,3218	-7,6726	29,6707
RB863129	-1,3548	-100,7012	127,0098	10,1381	-7,7871	22,7767

A tabela 11 mostra que, para a variável NC, as famílias C6, C8, C9, C11, C12, C14, C15 e C16 apresentaram valores genotípicos positivos, destacando-se as famílias C14 (8,41), C16 (2,57) e C15 (2,04). Já a família C4 apresentou valor genotípico considerado nulo. As famílias C1, C2, C3, C5, C7, C10, C13, C17, C18 e C19, assim como as variedades RB863129 e RB041443 apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental.

Para a variável EMC, as famílias C1, C2, C3, C4, C6, C8, C10, C11, C13, C15, C16 e C19 apresentaram valores genotípicos positivos. As famílias, C5, C7, C9, C12, C14, C17 e C18, assim como as variedades RB863129 e RB041443 apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental (Tabela 11).

A partir da observação em conjunto das variáveis NC e EMC, pode-se verificar que apenas as famílias C6, C8, C11, C15 e C16 apresentam valores genotípicos positivos para ambas as variáveis.

Logo, a probabilidade de se obter ganhos genéticos para produtividade, via seleção indireta, seria maximizada. Salienta-se que a acurácia seletiva observada para as variáveis NC (0,83) e EMC (0,97) foi de alta magnitude (Tabela 11).

As variedades RB041443 e RB863129 foram as únicas a apresentarem valores genotípicos positivos para variável DMC (Tabela 11).

Quanto a variável BRIX, a tabela 11 mostra que as famílias C5, C10, C12, bem como RB041443 e RB863129, apresentaram valores genotípicos positivos. As famílias C1, C2, C3, C4, C6, C7, C8, C9, C11, C13, C14, C15, C16, C17, C18 e C19 apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental.

As famílias C1, C2, C3, C7, C9, C13, C14, C16, C17 e C18 apresentaram valores genotípicos positivos para a variável MMC. Já as famílias C4, C5, C6, C8, C10, C11, C12, C15 e C19, bem como as variedades RB041443 e RB863129 apresentaram valores genotípicos negativos, apresentando-se abaixo da média BLUP experimental (Tabela 11).

Valores genotípicos positivos foram observados nas famílias C12, C13 e C17 para a variável TCH. Enquanto as famílias C1, C2, C3, C4, C5, C6, C7, C8, C9, C10, C11, C14, C15, C16, C18 e C19, bem como as variedades RB041443 e RB863129 apresentaram valores genotípicos negativos (Tabela 11).

Assim como no método clássico, no método de seleção antecipada, entre as variáveis estudadas, os maiores ganhos genéticos seriam obtidos para as variáveis EMC e MMC, seguido do número de colmo. Pois, houve grande número de famílias com valores genotípicos positivo preditos, o que permite maior exploração da variabilidade genética de tais famílias. Salienta-se que a probabilidade de se identificar já na fase T1 famílias e/ou genótipos promissores para TCH é baixa. Isso ocorre em função da natureza poligênica do caráter, da sua baixa herdabilidade e da alta complexidade genética de *Saccharum*. Entretanto, recomenda-se a seleção indireta a partir de tais caracteres secundários – que compõem a produtividade (EMC, MMC e NC) – para aumentar a probabilidade de se obter clones superiores nas fases subsequentes de seleção.

As correlações apresentadas no experimento 1 (tabela 5) também foram semelhantes as avaliadas no experimento 2, com exceção da correlação significativa entre o brix e o NC, e a EMC com a MMC, conforme tabela 12.

**Tabela 12.** Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis número de colmos (NC), estatura média do colmo (EMC), diâmetro médio do colmo (DMC); sólidos solúveis totais (BRIX); massa média da cana (MMC) e toneladas de cana por hectare (TCH) do método seleção antecipada.

Variáveis	Correlação	Probabilidade
NC x EMC	0,0146	94,8342 <sup>ns</sup>
NC x DMC	-0,1469	53,1706 <sup>ns</sup>
NC x BRIX	-0,4644	3,2390 <sup>*</sup>
NC x MMC	-0,0173	93,8548 <sup>ns</sup>
NC x TCH	-0,3871	7,9849 <sup>ns</sup>
EMC x DMC	-0,7350	0,0177 <sup>**</sup>
EMC x BRIX	-0,4951	2,1524 <sup>*</sup>
EMC x MMC	0,3942	7,3962 <sup>ns</sup>
EMC x TCH	-0,7258	0,0230 <sup>**</sup>
DMC x BRIX	0,8749	0,0000 <sup>**</sup>
DMC x MMC	-0,6547	0,1350 <sup>**</sup>
DMC x TCH	0,9362	0,0000 <sup>**</sup>
BRIX x MMC	-0,6343	0,2074 <sup>**</sup>
BRIX x TCH	0,9170	0,0000 <sup>**</sup>
MMC x TCH	-0,5615	0,7898 <sup>**</sup>

\*\* e \* - significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t; ns - não significativo

Nas condições do experimento 2, a variável NC se correlaciona negativamente apenas com a variável brix, à 5% de probabilidade pelo teste t. Isso indica que a competição entre os perfilhos dos *seedlings* plantados agrupados (*Bunche* de 10) interfere na expressão genética da variável brix, influenciando no acúmulo/gasto de foto assimilados e reduzindo a disponibilidade de sólidos solúveis.

Já a expressão da EMC é afetada, diminuindo a sua colaboração dentro da fórmula da MMC, a qual utiliza a EMC como vetor multiplicativo.

A correlação fenotípica entre os teores de sólidos solúveis e os teores de fibra foi negativa e de média magnitude, semelhante aos dados obtidos no método clássico, indicando que a seleção indireta para o teor de fibras via brix não é eficiente, conforme tabela 13.

**Tabela 13.** Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis sólidos solúveis totais (BRIX) e FIBRA% pelo método de seleção antecipada.

<b>Variáveis</b>	<b>Correlação</b>	<b>Probabilidade</b>
BRIX% <sub>f</sub> x FIBRA% <sub>f</sub>	-0,4758	2,7905 *
BRIX% <sub>g</sub> x FIBRA% <sub>g</sub>	0,2028	38,15 <sup>ns</sup>

\* - significativo a 5% de probabilidade pelo teste t; ns - não significativo

Já a correlação genotípica entre o teor de sólidos solúveis e o teor de fibra não foi significativa, diferentemente das correlações apresentadas no método clássico. Tal diferença indica que a competição entre indivíduos – submetidos ao plantio agrupado – acarreta maior gasto de foto-assimilados, interferindo na expressão genética do caráter Brix.

Por sua vez, os dados genotípicos apresentaram diferenças significativas. Assim, verifica-se que a seleção direta permitiria ganhos genéticos expressivos. A análise de variância dos dados fenotípicos dos teores de fibras demonstrou diferenças significativas ao nível de 5% de probabilidade para a fonte de variação famílias (Tabela 14).

**Tabela 14.** Análise de variância dos dados fenotípicos da variável fibra%.

<b>Fonte de Variação</b>	<b>Quadrado Médio</b>
<b>Bloco</b>	0,5826
<b>Famílias</b>	4,5138*
<b>Resíduo</b>	0,9293
<b>Média</b>	15,9586
<b>CV%</b>	6,1565

\* - significativo a 5% de probabilidade pelo teste f.

O coeficiente de variação associados à fonte de variação família foi 6,15%, sendo considerado baixo, o que demonstra ótima precisão experimental para a natureza agrônômica da variável em estudo (Gomes 2009).

Quanto ao teor de fibra, houve a formação de três grupos distintos, a 5% de probabilidade pelo teste de Scott e Knott (1974). A família C14 (18,81%) se destaca compondo sozinha o grupo de maior média. O segundo grupo foi formado pelas famílias C2, C3, C4, C8, C10, C11, C13 e C15. O terceiro grupo foi formado pelas famílias C1, C5, C6, C7, C9, C12, C16, C17, C18 e C19, assim como os padrões RB863129 e RB041443. Observa-se que as famílias componentes do primeiro e

segundo grupo apresentaram médias fenotípicas superiores aos padrões, demonstrando potencial para a seleção (Tabela 15).

**Tabela 15.** Médias fenotípicas e predição dos valores genotípicos BLUP para variável fibra%.

<b>Famílias</b>	<b>g</b>	<b>u+g</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova média</b>	<b>FIBRA%</b>	
RB041443	10,8979	20,5830	10,8979	20,5830	14,9957	c
RB863129	5,1941	14,8792	8,0460	17,7311	13,6218	c
C2	3,4582	13,1432	6,5167	16,2018	17,0037	b
C16	2,4662	12,1513	5,5041	15,1892	14,6143	c
C10	0,9783	10,6633	4,5990	14,2840	16,3665	b
C1	0,7695	10,4545	3,9607	13,6458	16,0725	b
C12	0,7303	10,4153	3,4992	13,1843	15,1688	c
C4	0,4823	10,1674	3,1221	12,8072	16,7142	b
C5	-0,0137	9,6714	2,7737	12,4587	14,2008	c
C15	-0,2617	9,4234	2,4702	12,1552	16,2501	b
C6	-0,5097	9,1754	2,1993	11,8843	14,3846	c
C9	-1,0056	8,6794	1,9322	11,6172	14,9237	c
C11	-1,0056	8,6794	1,7062	11,3912	16,6913	b
C3	-1,2536	8,4314	1,4948	11,1798	15,8029	b
C19	-1,7496	7,9354	1,2785	10,9635	14,8119	c
C8	-1,9976	7,6874	1,0737	10,7588	17,0634	b
C13	-1,9976	7,6874	0,8931	10,5781	16,2777	b
C17	-2,2456	7,4395	0,7187	10,4037	14,7246	c
C18	-3,4855	6,1995	0,4974	10,1825	15,6436	c
C7	-3,7335	5,9515	0,2859	9,9709	14,6848	c
C14	-5,7175	3,9676	0,0000	9,6850	18,8141	a

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott (1974).

Para variável fibra, foi verificado que as variedades RB041443 e RB863129, bem como as famílias C1, C2, C4, C10, C12 e C16, apresentaram valores genotípicos positivos. Já as famílias C3, C5, C6, C7, C8, C9, C11, C13, C14, C15, C17, C18 e C19 apresentaram valores genotípicos negativos, estando abaixo da média experimental e, conseqüentemente, apresentando baixa probabilidade de seleção (Tabela 15).

A metodologia BLUPIS preconiza que a seleção individual seja praticada, apenas, em famílias com efeitos genotípicos positivos. Pois, tais famílias apresentam média superiores à média geral do experimento, aumentando a probabilidade de seleção de clones promissores (Resende and Barbosa 2005, Resende and Barbosa 2006). O número total de indivíduos indicados à seleção foi 21, sendo os indivíduos selecionados nas 6 famílias com efeitos genotípicos positivos (Tabela 16).

**Tabela 16.** Número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias ( $n_k$ ) via métodos BLUPIS e BLUP-Seq para variável FIBRA.

Famílias	Blupis	Blup-Seq	Nova média blup	Fibra média da família
C2	8	10	16,2018	17,0037
C16	6	10	15,1892	14,6143
C10	2	7	14,2840	16,3665
C1	2	7	13,6458	16,0725
C12	2	5	13,1843	15,1688
C4	1	5	12,8072	16,7142
C5	-	2	12,4587	14,2008
C15	-	2	12,1552	16,2501
Total	21	48	-	-

Já o BLUP-seq preconiza que a seleção seja realizada primeiramente a nível de família, selecionando-se 40% das famílias avaliadas. A seleção individual foi praticada dividindo as famílias em quatro grupos, selecionando-se 40%, 30%, 20% e 10% dos indivíduos de cada família em cada grupo, respectivamente (Stringer et al. 2011). Nesse caso, foram indicados à seleção 48 indivíduos em 8 famílias (C1, C2, C4, C5, C10, C12, C15 e C16) (Tabela 16). De acordo com Oliveira et al. (2007), pode-se aumentar o número de *seedlings* plantados no T1 dessas famílias para melhor aproveitar suas variabilidades genética, aumentando a probabilidade de selecionar clones superiores.

Para as famílias selecionadas nas diferentes estratégias, o índice de coincidência de Hamblin e Zimmermann (1986) mostrou que os métodos Blupis e Blup-seq tiveram 75% de coincidência, selecionando indivíduos em 6 e 8 famílias, respectivamente. Já quando os métodos Blupis e Blup-seq quando comparados com o método massal, o índice de coincidência obtido foi de 31,68% e 42,11%, respectivamente. Indicando que a seleção massal apresenta baixa eficiência de seleção. Tais afirmações vão de acordo com Brasileiro (2013), o qual afirma que os métodos BLUPIS e BLUP-seq são mais eficientes que o método massal em virtude da maior pressão de seleção, diminuindo as chances de selecionar os melhores genótipos. Salienta-se que a seleção via modelos mistos favorece a predição dos ganhos genéticos com a seleção.

O índice de coincidência de Hamblin e Zimmermann (1986) aplicado para estimar a concordância entre as famílias selecionadas nos métodos clássico e seleção antecipada mostrou que

os métodos apresentaram coincidência de 80% pelo método Blup-seq, 66,67% pelo método BLUPIS e 100% pela seleção massal.

Observa-se que no método de seleção antecipada, dos 447 indivíduos selecionados via seleção massal, 93 indivíduos foram selecionados nas quatro famílias com maiores efeitos genotípicos (C1, C2, C10 e C16). O maior número de indivíduos selecionados pelo método de seleção antecipada, via seleção massal, indica boa otimização do processo seletivo. As famílias com valor genotípico positivo selecionadas pelo método de seleção antecipada passaram a fornecer maior quantidade de indivíduos para a próxima fase de seleção.

De modo geral os métodos estão relacionados, se mostrando efetivo para seleção de famílias com alto valor genotípico. Contudo, o método clássico apresenta a desvantagem de demandar muitos esforços para selecionar famílias com alta probabilidade de ocorrência de indivíduos superiores. Enquanto o método de seleção antecipada foca na seleção em famílias com alto valor genotípico, aumentando a probabilidade de selecionar genótipos superiores. Tais afirmações vão de acordo com Melo (2014), o qual identificou que coincidências negativas e nulas não são efetivas para indicar as progênies com maiores valores genéticos preditos. Enquanto os índices de coincidência acima de 40% indicam que as progênies de maior valor genético predito seriam selecionadas.

## **CONCLUSÕES**

A seleção indireta antecipada para elevação dos teores de fibra via teor de sólidos solúveis não é eficiente;

Houve diferença entre a expressão genotípica das variáveis avaliadas nos métodos clássico e a seleção antecipada;

Obteve-se maiores ganhos genéticos pela seleção prévia de famílias e posterior seleção individual;

O planto agrupado dos *seedlings* no método de seleção antecipada favorece a seleção de maior quantitativo de indivíduos dentro das famílias no mesmo espaço físico e com menor dispêndio de mão-de-obra;

As famílias C1, C2, C4, C5, C7, C10, C12, C15 e C16 são as mais indicadas para seleção genotípica para elevação dos teores de fibra;

Recomenda-se promover recombinações entre os acessos do Banco ativo de germoplasma Co285, PRBIO150, PRBIO163, PRBIO215, PRBIO221, PRBIO273, PRBIO298, PRBIO353, PRBIO371 e PRBIO392 para seleção genotípica para elevação dos teores de fibra.

## **REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

Alexander AG (1985) **The energy cane alternative**. Elsevier, Amsterdam, 509p.

Araldi R, Silva FML, Ono EO and Rodrigues JD (2010) Florescimento em cana-de-açúcar. **Ciência Rural 40**: 694-702.

Berding N (1981) Improved flowering and pollen fertility in sugarcane under increased night temperature. **Crop Science 21**:863-867.

Berding N and Roach BT (1987) Germplasm collection, maintenance, and use. In Heinz DJ (ed.) **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, New York, p. 143-210.

Brasileiro BP (2013) **Estratégias de seleção em cana-de-açúcar**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 62p.

Bressiani JA, Vencovsky R and Burnquist WL. Modified sequential selection in sugarcane. In: **Proceedings of XXV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 2005**. ISSCT, Guatemala, p. 459.

Chang YS and Milligan SB (1992) Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics 84**: 662-671.

Costa CTS, Ferreira VM, Endres L, Ferreira DTRG and Gonçalves ER (2011) Crescimento e produtividade de quatro variedades de cana-de açúcar no quarto ciclo de cultivo. **Revista Caatinga** **24**: 56-63.

Cruz CD (2013) GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum** **35**: 271-276.

Dias LAS and Barros WS (2009) **Biometria experimental**. Suprema, Viçosa, 408p.

Dias CMO, Corsato CE, Santos VM and Santos AFS (2012) Indicadores fitotécnicos, de produção e agroindustriais em cana de açúcar cultivada sob dois regimes hídricos. **Revista Caatinga** **25**: 58-65.

Dinardo-Miranda LL, Vasconcelos ACM and Landell MGA (eds.) (2010) **Cana-de-açúcar**. Instituto Agrônomo, Campinas, 882p.

Dunckelman PH and Breaux RD. Evaluation of germ plasm in the USDA sugarcane program at Houma, Louisiana. In: **Proceedings of XIII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1968**. ISSCT, Taiwan, p. 888.

Escobar JAD, Resende MDV, Azevedo CF, Silva FF, Barbosa MHP, Nunes ACP, Alves RS and Nascimento M (2018) Teoria de valores extremos e tamanho amostral para o melhoramento genético do quantil máximo em plantas. **Revista Brasileira de Biometria** **36**: 108-127.

Fernandes AC (2000) **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Sociedade dos Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil (STAB), Piracicaba, 193p.

Gomes FP (2009) **Curso de estatística experimental**. Fealq, Piracicaba, 451p.

Hamblin J and Zimmerman MJO (1986) Breeding common bean for yield mixtures. In Janick J (ed.) **Plant Breeding Reviews**. The AVI Publishing Company Inc., New York, p. 245-272.

Heinz DJ (1965) Wild Saccharum species for breeding in Hawaii. In: **Proceedings of XII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1965**. ISSCT, San Juan, p. 1037.

James NI (1980) Sugarcane. In Fehr WR and Hadley HH (eds.) **Hybridization of crop plants**. Wisconsin, Madison, p. 617-629.

- Kimberg CA and Cox MC (2003) Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists** **23**: 20-39.
- Köppen W and Geiger R (1928) **Klimate der erde. Gotha: Verlag Justus Perthes.** Wall-map 150 cm x 200 cm.
- Ladd SL, Heinz DJ, Meyer HK and Nishimoto BK. Selection studies in sugarcane (*Saccharum sp.* hybrids). I. Repeatability between selection stages. In: **Proceedings of XV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1974.** ISSCT, Durban, p. 102.
- Legendre BL and Burner DM (1995) Biomass production of sugarcane cultivars and early generation hybrids. **Biomass Bioenergy** **8**: 55-61.
- Maia Júnior SO, Silva JAC, Santos KPO, Andrade JR, Silva JV and Endres L (2018) Caracterização morfológica e produtiva e suas correlações em cultivares de cana-de-açúcar. **Ciência Agrícola** **16**: 31-42.
- Mangelsdorf AJ (1953) 'Sugarcane breeding in Hawaii'. **The Hawaiian Planters' Record** **54**: 101-162.
- Matsuoka S, Bressiani J, Maccheroni W and Fouto I (2010) Bioenergia de cana. In Santos F, Borém A and Caldas C (eds.) **Cana-de-açúcar: bionergia, açúcar e álcool - tecnologia e perspectiva.** Editora UFV, Viçosa, p. 487-517.
- Melloni MLG (2012) **Fisiologia do florescimento e viabilidade do grão-de-pólen da cana-de-açúcar (*Saccharum sp.*).** Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 80p.
- Melo LJOT (2014) **Sistema simplificado de seleção para a fase inicial do melhoramento genético da cana-de-açúcar.** Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 142p.
- Ming R, Moore PH, Wu KK, D'Hont A, Glaszmann JC, Tew TL, Mirkov TE, Silva J, Jifon J, Rai M, Schnell RJ, Brumbley SM, Lakshmanan P, Comstock JC and Paterson AH (2006) Sugarcane improvement through breeding and biotechnology. In Janick J (ed.) **Plant Breeding Reviews.** John Wiley & Sons Inc., Oxford, p. 15-118.

Moore PH and Nuss KJ (1987) Flowering and flower synchronization. In Heinz DJ (ed.) **Sugarcane Improvement through Breeding**. Elsevier, Aiea, p. 273-311.

Mozambani AE, Pinto AS and Mattiuz CFM (2006) História e morfologia da cana-de-açúcar. In Segato SV, Pinto AS, Jendiroba E and Nóbrega JCM (eds.) **Atualização em produção de cana-de-açúcar**. Printend, Piracicaba, p. 11-18.

Nuss KJ and Berding N Planned recombination in sugarcane breeding: artificial initiation of flowering in sugarcane in subtropical and tropical conditions. In: **Proceedings of XXIII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1999**. ISSCT Impress, New Delhi, p. 202.

Oliveira RA, Daros E, Zambon JLC, Weber H, Ido OT, Zuffelato-Ribas KC, Koehler HS and Silva DKT (2004) Crescimento e desenvolvimento de três cultivares de cana-de-açúcar, em cana planta, no Estado do Paraná. **Scientia Agrária 5**: 87-94.

Oliveira RA, Daros E, Zambon JLC, Weber H, Ido OT, Bessalok-Filho JC, Zuffelato-Ribas KC and Silva DKT (2007) Área foliar em três cultivares de cana-de-açúcar e sua correlação com a produção de biomassa. **Pesquisa Agropecuária Tropical 37**: 71-76.

Oliveira RA, Daros E, Resende MDV, Bessalok-Filho JC, Zambon JLC, Souza TR and Lucius ASF (2011) Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia 70**: 796-800.

Panje RR. The role of *Saccharum spontaneum* in sugarcane breeding. In: **Proceedings of XIV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1971**. ISSCT, New Orleans, p. 217.

Paterniani E and Miranda Filho JB (1980) Melhoramento de populações. In Paterniani E (ed.) **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Fundação Cargill: Piracicaba, p. 202-256.

Resende MDV (2002) **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 975p.

Resende MDV and Barbosa MHP (2005) **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo, 130p.

- Resende MDV and Barbosa MHP (2006) Selection via simulated BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **41**: 421-429.
- Rocha MG (2018) **Influência de variáveis agronômicas na produtividade de cana-de-açúcar e potencial uso de sensoriamento proximal**. Faculdade de Engenharia Agrícola da Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 93p.
- Scarpari MS and Beauclair EGF (2010) Anatomia e botânica. In Dinardo-Miranda LL, Landell MGA and Vasconcelos AC (eds.) **Cana-de-açúcar**. Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, p. 47-56.
- Scott AJ and Knott M (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics** **30**: 507-512.
- Segato SV, Pinto ADS, Jendiroba E and Nóbrega JD (2006) Atualização em produção de cana-de-açúcar. Livroceres, Piracicaba, 415p.
- Shang KC, Juang PY, Chu TL and Huang ST. A study on the transmission of some important characteristics of Taiwan originated wild cane (*Saccharum spontaneum* L.) In: **Proceedings of XIII Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1968**. ISSCT, Taiwan, p. 968.
- Silva FL, Barbosa MHP, Resende MDV, Peternelli LA and Pedroso CA (2015) Efficiency of selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **15**: 1-9.
- Silveira LCI (2014) **Melhoramento genético da cana-de-açúcar para obtenção de cana energia**. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 84p.
- Simões-Neto DE, Melo LJOT, Chaves A and Lima ROR (2005) **Lançamento de novas variedades RB de cana-de-açúcar**. Imprensa Universitária UFRPE, Recife, 28p.
- Skinner JC, Hogarth DM and Wu KK (1987) Selection methods, criteria, and indices. In Heinz DJ (ed.) **Sugarcane improvement through breeding**. Elsevier, Amsterdam, p. 409-453.

Stringer JK, Cox MC, Atkin FC, Wei X and Hogarth DM (2011) Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Sugar Tech** 13 p. 36-41.

Urata R (1969) **Seedling propagation and bunch size for field transplanting**. Annual Report of Experiment Station. Hawaiian Sugar Planters Association, Hawaiian, 12p.

Walker DIT. Utilization of noble and *Saccharum spontaneum* germplasm in the West Indies.

**Proceedings of XIV Congress of the International Society of Sugar Cane Technologists of 1971**. ISSCT, New Orleans, p. 224.

### **CONSIDERAÇÕES FINAIS**

A pesquisa trouxe informações introdutórias sobre o desenvolvimento de um novo método de melhoramento genético da cana-de-açúcar, em especial para obtenção de cana-energia (método de seleção antecipada); despertou a necessidade de novos estudos sobre o comportamento genotípico e fenotípico das famílias oriundas de cruzamentos entre indivíduos descendentes de *Saccharum spontaneum*; apontou passos que podem otimizar os processos seletivos no método clássico, bem como no método de seleção antecipada.