

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA**

**MATEUS TELES VITAL GONÇALVES**

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DIFERENTES  
DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS**

**VIÇOSA – MINAS GERAIS**

**2017**

**MATEUS TELES VITAL GONÇALVES**

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DIFERENTES  
DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS**

**Trabalho de conclusão de curso  
apresentado à Universidade Federal de  
Viçosa como parte das exigências para a  
obtenção do título de Engenheiro  
Agrônomo. Modalidade: trabalho  
científico.**

**Orientador: Luiz Alexandre Peternelli**

**Coorientador: Márcio Henrique Pereira  
Barbosa**

**VIÇOSA – MINAS GERAIS**

**2017**

MATEUS TELES VITAL GONÇALVES

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DIFERENTES  
DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS

Trabalho de conclusão de curso  
apresentado à Universidade Federal de  
Viçosa como parte das exigências para a  
obtenção do título de Engenheiro  
Agrônomo. Modalidade: trabalho  
científico.

APROVADO: 26 / 06 / 2017



---

Prof. Luiz Alexandre Peternelli

(orientador)

(UFV)

## RESUMO

Existem dificuldades para aplicação da seleção de famílias no melhoramento genético da cana-de-açúcar em nível de campo, com destaque para o aumento das atividades devido aos problemas operacionais relacionados à obtenção dos dados em nível de planta, e/ou a necessidade de pesar todas as parcelas nos experimentos. Como forma de contornar as dificuldades envolvidas na avaliação de famílias, foi proposto nesse trabalho um experimento com menores dimensões, mas com mais repetições que o usual e com a possibilidade de aplicação do BLUP individual na predição dos valores genéticos aditivos e da capacidade específica de combinação. Portanto, visando contribuir para a adoção da seleção de famílias em cana-de-açúcar, esse trabalho tem o objetivo de avaliar o efeito do tipo de desenho experimental no ordenamento das melhores famílias de cana-de-açúcar e na estimativa de parâmetros genéticos. No total, 64 famílias de irmãos completos foram avaliadas em dois tipos de delineamentos experimentais, o Delineamento A: em blocos casualizados com 25 repetições e uma planta por parcela e o Delineamento B: em blocos incompletos, com 3 repetições e 15 plantas por parcela. A avaliação fenotípica foi realizada após o primeiro corte e já no estágio de cana soca. Os caracteres avaliados por planta no experimento A e por parcela no experimento B foram: o número total de colmos (NC) e o peso médio de colmos (PMC). Com isso foi possível obter a tonelada de cana por hectare real (TCH). Constatou-se de maneira geral baixa precisão experimental no Delineamento A, embora houvesse mais repetições (25 repetições) nesse ensaio. Os valores de coeficiente de variação experimental no Delineamento B apresentaram magnitudes que confere alta precisão experimental para experimentos com cana-de-açúcar. Entretanto, no Delineamento B, os valores de herdabilidade individual no sentido amplo ( $h^2g$ ) foram superestimados, apresentando magnitudes acima da unidade para PMC e TCH, enquanto que os valores dos mesmos caracteres no Delineamento A foram baixos, mas próximos dos valores esperados para caracteres quantitativos avaliados a nível de indivíduo. Os coeficientes de herdabilidade ao nível de média de família ( $h^2fam$ ), apresentaram magnitudes moderadas para todos os caracteres e com acurácias acima de 0,70 para todos os caracteres nos dois delineamentos, exceto para PMC no Delineamento A. Os efeitos genéticos de dominância foram superiores aos efeitos genéticos aditivos na explicação da variação genética para os caracteres PMC e TCH, isso ficou ainda mais explícito nos resultados obtidos no Delineamento A. No entanto para NC essa proporção esteve próxima da unidade nos dois delineamentos, indicando que os efeitos aditivos foram maiores que os não aditivos. No total, 35 genitores fazem parte dos 30 cruzamentos

com as maiores capacidades específica de combinação (CEC) do Delineamento A, enquanto que 37 fazem parte dos 30 melhores cruzamentos no Delineamento B, sendo que, 28 genitores e 16 cruzamentos são comuns aos dois experimentos. Os genitores RB931556, RB987933, RB855035, CTC4 estão entre os oito genitores com os maiores efeitos genéticos aditivos nos dois delineamentos utilizados. Dentre as famílias avaliadas, 31 e 33 famílias apresentaram médias genotípicas acima da média geral no Delineamento A e B, respectivamente, havendo coincidência de 20 famílias entre os dois delineamentos. O experimento com 25 repetições e uma única planta por parcela podem ser uma alternativa viável para os programas de melhoramento, pois fornece informações importantes para a escolha de genitores, cruzamentos e na seleção de famílias.

Palavras-chave: *Saccharum spp*, herdabilidade, melhoramento genético.

#### **ABSTRACT**

The selection of families at field level, during the sugarcane breeding process, faces several problems, specially those regarding the increase of proceedings due operational problems related with obtaining plant-level data, and / or the need to weigh all plots in the experiment trials. As a way to overcome these problems involved in the evaluation of families, an experiment with smaller dimensions was proposed, but with more replicates than are usually adopted and with the possibility of application of the individual best linear unbiased procedure (BLUPi) in the prediction of additive genetic values and the specific combining ability . Therefore, in order to contribute to the adoption of sugarcane family selection in the initial stages of the sugarcane breeding program, this study aims to evaluate the effect of the type of experimental design in ordering the best families of sugarcane and on the estimation of genetic parameters. Overall, 64 families of complete siblings were evaluated in two types of experimental designs: Design A: randomized blocks with 25 replicates and one plant per plot and the Desing B: incomplete blocks with 3 replicates and 15 plants per plot. The phenotypic evaluation was performed at the first ratoon crop (12 months aged). The traits evaluated in design A (on individual plants) and in design B (on entire plots) were: total number of stalks (NC) and mean stalk weight

(PMC). With this it was possible to obtain the ton of sugar cane per hectare (TCH). Overall experimental accuracy was found to be very low in design A, although there were more replicates (25 replicates) in that assay. The values of coefficient of experimental variation in Design B presented magnitudes that confer high experimental precision for experiments with sugarcane. However, in Design B, individual broad sense heritability ( $h^2_g$ ) were overestimated, showing magnitudes above the unit for PMC and TCH, while the values of the same traits in Design B were low but close to the values expected for traits assessed at the individual level. The heritability coefficients at the family mean level ( $h^2_{fam}$ ) presented moderate magnitudes for all traits and with accuracy values above 0.70 for all traits in the two designs except for PMC in Design A. The genetic effects of dominance were superior compared with the additive genetic effects in the explanation of the genetic variation for PMC and TCH traits; which was highlighted in the results obtained in the Design B. However for NC this proportion was close to unity in the two designs, indicating that the additive effects were higher than the non-additives. In total, 35 parents are part of the 30 crosses with the highest specific combining abilities (CEC) of the Design A, while 37 are among the 30 best crosses in the Design B, and 28 parents and 16 crosses are common to the two experiments. The parents RB931556, RB987933 and RB855035 are among the eight parents with the greatest genetic additive effects in the two designs used. Among the evaluated families, 31 and 33 families had genotypic means above the general average in Design A and B, respectively, with a coincidence of 20 families between the two designs. The experiment with 25 replicates and a single plant per plot may be a feasible alternative to the breeding programs as it provides important information for the selection of genitors, crosses and selection of families.

Keywords: *Saccharum spp.*, heritability, plant breeding.

## CONTEÚDO

|                                     |    |
|-------------------------------------|----|
| 1. INTRODUÇÃO.....                  | 7  |
| 2. OBJETIVOS.....                   | 9  |
| 2.1. Objetivo geral .....           | 9  |
| 2.2. Objetivos específicos .....    | 9  |
| 3. MATERIAL E MÉTODOS.....          | 9  |
| 3.1. Material Vegetal .....         | 9  |
| 3.2. Avaliação Fenotípica .....     | 10 |
| 3.3. Análise Estatística.....       | 10 |
| 4.RESULTADOS E DISCUSSÕES.....      | 12 |
| 5. CONCLUSÃO.....                   | 19 |
| 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS ..... | 20 |

## 1. INTRODUÇÃO

A produção de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) tem apresentado grande crescimento nos últimos anos no Brasil. Na última safra (2016/2017), foram cultivados no país cerca de nove milhões de ha, a partir dos quais foram produzidas mais de 640 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, (CONAB, 2017). Para suprir a crescente demanda mundial por açúcar e garantir a produção de etanol para abastecimento do mercado interno, é necessário não apenas a incorporação de novas áreas de produção, mas também, o aumento da produtividade.

Resultados significativos no sentido de aumentar a produção de açúcar (Barbosa et al. 2004; Hogarth e Berding, 2006), resistência a doenças (Zhou, 2004; Bailey, 2004) e resistência a insetos (Leslie, 2004) têm ocorrido através de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

No melhoramento de cana-de-açúcar o processo de desenvolvimento de novas cultivares envolve o que se convencionaram denominar de fases T1, T2, T3, FM e FE, isto é, primeira, segunda e terceira fase de teste, fase experimental e fase de multiplicação clonal, respectivamente (Barbosa e Silveira, 2012). Uma das etapas mais importantes no melhoramento da cana-de-açúcar é a fase inicial (T1), onde são realizadas as primeiras seleções de plantas ou de famílias. Após a fase T1 novos materiais não são mais introduzidos, o que torna a seleção executada nessa fase crucial para o sucesso do programa. A estratégia de seleção ótima em cana-de-açúcar seria através da predição de valores genotípicos usando o BLUP (Best Linear Unbiased Predictor) individual (BLUPI) (Resende 2002). Porém, esse método dificilmente é usado na fase T1 devido a problemas operacionais relacionados à obtenção dos dados em nível de planta.

Na prática, as diferentes estratégias desenvolvidas para a seleção de famílias consideram as informações totais das parcelas e em seguida identificam os melhores genótipos (Resende e Barbosa, 2006; Stringer et al., 2011, Brasileiro et al., 2015). Sendo que, devido ao grande número de famílias e de plantas por família, tem sido adotado o delineamento em blocos incompletos na instalação dos ensaios.

Nas diferentes estratégias de seleção a primeira etapa consiste na identificação das melhores famílias e na segunda etapa é realizada a seleção visual, fazendo uso principalmente da combinação e magnitude dos caracteres componentes da produção: número de colmos, diâmetro de colmos e altura de colmos (Brasileiro et al., 2015).

Resende e Duarte (2007) sugerem que as avaliações de famílias sejam abordadas do ponto de vista genético e estatístico. Além disso, Resende (2002) propõe o uso da acurácia seletiva devido a sua propriedade de informar sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico. A acurácia seletiva é o principal componente do progresso genético que o melhorista pode alterar visando maximizar o ganho de seleção, podendo ser incrementada por meio da experimentação. Os experimentos com parcelas de uma única planta e muitas repetições tem conduzido ao aumento da precisão experimental e da acurácia seletiva (Resende, 2002).

Existem dificuldades para aplicação da seleção de famílias no melhoramento genético da cana-de-açúcar em nível de campo, com destaque para o aumento das atividades devido aos problemas operacionais relacionados à obtenção dos dados em nível de planta, e/ou a necessidade de pesar todas as parcelas nos experimentos, o que muitas vezes restringe o número de famílias a serem avaliadas por vez. Essas dificuldades têm impedido o uso da seleção de famílias nos programas de melhoramento genético, promovendo atualmente pouco impacto no desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar.

Como forma de contornar as dificuldades envolvidas na avaliação de famílias e levando em conta que o programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa, leva a campo anualmente, mais de 250 famílias e em média 600 seedlings por família. Nós propomos nesse projeto uma nova abordagem experimental para avaliação de famílias de cana-de-açúcar, onde são adotadas muitas repetições por família, cada parcela é composta por uma única planta e o delineamento é em blocos casualizados, ou seja, é proposto um experimento com menores dimensões, mas com mais repetições que o usual e com a possibilidade de aplicação do BLUP individual na predição dos valores genotípicos.

## **2. OBJETIVOS**

## **2.1. Objetivo geral**

Visando contribuir para a adoção da seleção de famílias em cana-de-açúcar, esse trabalho tem o objetivo de avaliar o efeito do tipo de desenho experimental no ordenamento das melhores famílias de cana-de-açúcar.

## **2.2. Objetivos específicos**

- Definir qual seria o melhor delineamento experimental a ser adotado na fase T1.
- Avaliar a eficiência de experimentos reduzidos na avaliação de famílias de cana-de-açúcar

## **3. MATERIAL E MÉTODOS**

### **3.1. Material Vegetal**

No total, 64 famílias de irmãos completos foram utilizadas nesta pesquisa. Essas famílias foram produzidas a partir de cruzamentos realizados em 2013 na Estação Experimental da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, AL. As plântulas, após aclimação, foram enviadas para a instalação do experimento no Centro de Pesquisa e Melhoramento de Cana-de-Açúcar (CECA) pertencente a Universidade Federal de Viçosa, no município de Oratórios, MG, com latitude 20°25'S; longitude 42°48'W; altitude 494m; solo LVE.

As 64 famílias foram distribuídas em dois tipos (A e B) de delineamentos experimentais, A: Delineamento em blocos casualizados com 25 repetições e uma planta por parcela; B: Delineamento em blocos incompletos, com 3 repetições e 15 plantas por parcela. As plantas nos dois experimentos foram distribuídas com espaçamento de 0,5m dentro da linha e 1,40m entre linhas (sulcos).

### **3.2. Avaliação Fenotípica**

A avaliação fenotípica no T1 foi realizada após o primeiro corte e já no estágio de cana soca, durante os meses de abril a junho de 2016. Os caracteres avaliados por planta no experimento A e por parcela no experimento B foram: o número total de colmos (NC) e o peso médio de colmos (PMC). Como o foco do trabalho foi na fase inicial de seleção T1, concentrando-se os esforços na avaliação de caracteres de baixa herdabilidade, o caracter tonelada de cana por hectare (TCH) foi priorizado na avaliação. No experimento A, parcelas interias (touceiras), representadas por um único indivíduo foram avaliadas, enquanto que no experimento B, onde as parcelas eram constituídas por 15 indivíduos, foram selecionados, de forma aleatória, 10 colmos por parcela. Com isso foi possível obter a tonelada de cana por hectare real (TCH): 
$$TCH = \frac{(NC \times PMC \times 10)}{AP}$$
 em que AP é área da parcela em m<sup>2</sup> e 10 é a constante usada para conversão do peso da parcela em tonelada por hectare.

### 3.3. Análise Estatística

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software Selegen-Reml/Blup (Resende, 2016) para análises genéticas e estatísticas. As equações do modelo misto (Resende, 2002) foram utilizadas para calcular os BLUPs dos valores genéticos e capacidade específica de combinação (CEC) de cada cruzamento. O modelo estatístico;  $y = Xb + Z_1a + Z_2d + e$ , em que: y, b, a, d e e : são respectivamente vetores de dados, dos efeitos fixos de experimento, dos efeitos aleatórios genéticos aditivos, dos efeitos aleatórios de CEC, dos efeitos fixo de blocos e erros aleatórios, respectivamente. X, Z1, e Z2 são as matrizes de incidência para b, a e d, respectivamente.

Estruturas de médias e variâncias.

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ d \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} V & Z_1A\sigma_a^2 & Z_2I\sigma_d^2 & I\sigma_e^2 \\ Z_1A\sigma_a^2 & A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ Z_2I\sigma_d^2 & 0 & I\sigma_d^2 & 0 \\ I\sigma_e^2 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$V = Z_1A\sigma_a^2Z_1' + Z_2I\sigma_d^2Z_2' + I\sigma_e^2$$

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'Z \\ X'Z & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'Z \\ X'Z & Z'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{d} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h_g^2 - h_d^2}{h_a^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h_g^2 - h_d^2}{h_d^2}$$

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_c^2}$$

$$h_d^2 = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_c^2}$$

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{d}'W'y] / [N - r(X)]$$

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

$$\hat{\sigma}_d^2 = [\hat{d}'I^{-1}\hat{d} + \sigma_e^2 \text{tr}(I^{-1}C^{33})] / f$$

Onde  $\hat{\sigma}_e^2$  = variância residual,  $\hat{\sigma}_a^2$  = variância aditiva e  $\hat{\sigma}_d^2$  = variância devido aos desvios de dominância.

As análises foram realizadas com o uso da matriz de parentesco. Os componentes de variância serão obtidos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML e utilizados para computar as estimativas de herdabilidade ao nível de parcela e ao nível de médias de famílias de irmãos germanos. O estimador do componente de variância de dominância entre famílias é dado por  $\hat{\sigma}_d^2$ , ou seja, equivale ao componente de variância associado à capacidade específica de combinação. Neste caso,  $\sigma_d^2$  é equivalente a (1/4) da variância genética de dominância total presente na população.

Os efeitos genotípicos das famílias serão preditos por  $(1/2)(\hat{a}_i + \hat{a}_j) + \hat{d}$ , em que  $\hat{a}_i$  e  $\hat{a}_j$  são os valores genéticos aditivos preditos do genitor i e j, respectivamente, e  $\hat{d}_{ij}$  é a capacidade específica de combinação (CEC) do cruzamento entre os genitores i e j.

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados referentes às estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os caracteres número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC) e tonelada de cana por hectare (TCH) em 64 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar avaliados nos dois tipos de delineamentos experimentais (Delineamentos A e B) são apresentadas na Tabela 1. Constatou-se de maneira geral baixa precisão experimental no Delineamento A, embora houvesse mais repetições (25 repetições) nesse ensaio. Os valores de CV% no Delineamento B apresentaram magnitudes que confere alta precisão experimental para experimentos com cana-de-açúcar, estando de acordo com os descritos na literatura (Barbosa et al., 2004; Oliveira et al., 2008; Silva et al., 2015).

**Tabela 1** – Parâmetros genéticos e ambientais dos caracteres número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC) e tonelada de cana por hectare (TCH) em famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar avaliados no delineamento em blocos casualizados com uma planta por parcela e 25 repetições (Delineamento A) e no delineamento em blocos incompletos com 15 plantas por parcela e 3 repetições (Delineamento B).

| Parâmetros         | Delineamento A |             |            | Delineamento B |           |            |
|--------------------|----------------|-------------|------------|----------------|-----------|------------|
|                    | NC             | PMC         | TCH        | NC             | PMC       | TCH        |
| Va                 | 0,857          | 0,0005      | 47,0965    | 1,9252         | 0,0092    | 293,6015   |
| Vd                 | 0,251          | 0,004       | 193,4375   | 0,2659         | 0,0101    | 199,3684   |
| Ve                 | 11,6362        | 0,1462      | 4631,8735  | 2,8782         | 0,023     | 300,9499   |
| Vf                 | 12,7443        | 0,1512      | 4872,4076  | 5,3058         | 0,0427    | 812,4136   |
| h <sup>2</sup> a   | 0,07±0,03      | 0,003±0,007 | 0,01±0,009 | 0,36±0,18      | 0,21±0,14 | 0,36±0,178 |
| h <sup>2</sup> g   | 0,146          | 0,1216      | 0,1684     | 0,5633         | 1,1673    | 1,343      |
| h <sup>2</sup> fam | 0,5651         | 0,4357      | 0,5304     | 0,5412         | 0,6763    | 0,7391     |
| Acurácia           | 0,7517         | 0,6601      | 0,7283     | 0,7356         | 0,8224    | 0,8597     |
| Va/(Va+Vd)         | 0,7734         | 0,1111      | 0,1957     | 0,8786         | 0,4766    | 0,5955     |
| CVe%               | 53,3825        | 34,5754     | 65,2083    | 23,0274        | 15,8555   | 27,3772    |
| Média Geral        | 6,4925         | 1,1049      | 104,8757   | 8,3906         | 1,0494    | 76,8007    |

Va: variância genética aditiva; Vd: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos completos; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h<sup>2</sup>a: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos; h<sup>2</sup>g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; Va/(Va+Vd): proporção entre as variâncias relativas aos efeitos aditivos e dominância; h<sup>2</sup>fam: herdabilidade a nível de família. Acurácia: acurácia na seleção de famílias; CVe%: coeficiente de variação experimental

As estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais nesse trabalho foram obtidas a partir de parcelas constituídas de 15 indivíduos e repetidas três vezes no Delineamento B e em parcelas de um único indivíduo com 25 repetições por família. Leite et al. (2009) salienta que uma amostra de 16 plantas por parcela, ou ainda, 96 indivíduos por família, seria suficiente para obter estimativas fidedignas de parâmetros em cana-de-açúcar. Porém, os valores de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ) obtidos no delineamento B são similares aos valores obtidos em outros trabalhos que também usaram as médias de parcela, a exemplo de (Oliveira, 2008; Oliveira 2011; Barbosa et al., 2014), enquanto que os valores de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ) dos caracteres no delineamento A foram muito menores aos obtidos no delineamento B, mas similar ao obtido por Silva et al. (2015) e Barbosa et al. (2005), que também avaliaram plantas individuais e com erros padrões de baixa magnitude, indicando que esses valores de herdabilidade foram estatisticamente diferentes de zero, possibilitando a seleção de indivíduos superiores.

No Delineamento B, os valores de herdabilidade individual no sentido amplo ( $h^2_g$ ) foram superestimados, apresentando magnitudes acima da unidade para PMC e TCH (Tabela 1), enquanto que os valores dos mesmos caracteres no Delineamento A foram baixos, mas próximos dos valores esperados para caracteres quantitativos avaliados em nível de indivíduo.

A magnitude da herdabilidade denota o grau de dificuldade para melhorar uma característica em particular e ajuda a orientar o método mais eficiente a ser usado na condução de uma população segregante. Os coeficientes de herdabilidade ao nível de média de família ( $h^2_{fam}$ ) apresentaram magnitudes moderadas para todos os caracteres e com acurácias acima de 0,70 para todos os caracteres nos dois delineamentos, exceto para PMC no Delineamento A (Tabela 1).

A seleção de famílias em cana-de-açúcar tem um papel fundamental, pois aumenta a probabilidade de encontrar indivíduos promissores para características de baixas herdabilidades individuais, nas fases iniciais do melhoramento genético. Portanto, os valores de herdabilidade ao nível de família encontrados nos dois delineamentos apresentaram valores satisfatórios e indicam uma condição favorável para a seleção entre e dentro de famílias.

A proporção entre as variâncias relativas aos efeitos aditivos e dominância estimada pela expressão ( $V_a/(V_a+V_d)$ ) foi pequena para os caracteres PMC e TCH, nos dois delineamentos. Isso demonstra que os efeitos genéticos de dominância foram

superiores aos efeitos genéticos aditivos na explicação da variação genética para esses caracteres, isso ficou ainda mais explícito nos resultados obtidos no Delineamento A (Tabela 1). No entanto para NC essa proporção esteve próxima da unidade nos dois delineamentos, indicando que os efeitos aditivos foram maiores que os não aditivos. Alguns trabalhos (Hogarth, 1977; Hogarth et al., 1981; Bastos et al., 2003; Liu et al., 2007) tem reportado os efeitos aditivos como sendo tão importantes quanto os de dominância, contudo, a predominância dos efeitos de dominância observado nesse trabalho, pode estar ligada a escolha dos genitores que participaram dos cruzamentos.

Para o TCH, o resultado encontrado segue com o obtido por Bastos et al. (2003) onde os efeitos gênicos não-aditivos também foram predominantes para este caráter. Carvalho (2012) a partir da análise conjunta de cinco experimentos de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos, constatou efeito significativo não aditivo para peso de colmos. Liu et al. (2007) encontraram alto efeito de dominância para o caráter peso de colmo. Em contrapartida, de acordo os resultados obtidos por Barbosa et al. (2004) os efeitos aditivos foram predominantes para explicar a variação genética entre as famílias de cana-de-açúcar para a variável tonelada de cana por hectare. Outros trabalhos, tais como, Oliveira et al. (2008) sugere predominância dos efeitos genéticos aditivos para TCH.

Diferentes estratégias de seleção podem ser propostas de acordo com a herança da característica. As evidências apresentadas sugerem que os efeitos gênicos aditivos são tão importantes quanto os efeitos gênicos não aditivos na expressão dos caracteres de importância econômica da cana-de-açúcar. Portanto, explorar a capacidade específica de combinação (CEC) torna-se tão importante quanto à capacidade geral de combinação e ainda que os efeitos não aditivos para PMC e TCH tenham sido maiores (Tabela 1), existe uma porção aditiva que também deve ser explorada. Neste sentido, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar devem procurar explorar ambas as frações da variação genética total e para isso, o uso da Seleção Recorrente Recíproca (SRR) conforme apresentado por Resende e Barbosa (2005) se apresenta como uma interessante estratégia para o programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

No total, 35 genitores fazem parte dos 30 cruzamentos com as maiores capacidades específica de combinação (CEC) do Delineamento A, enquanto que 37 fazem parte dos 30 melhores cruzamentos no Delineamento B, sendo que, 28 genitores e 16 cruzamentos são comuns aos dois experimentos (Tabela 2).

Conforme Resende e Barbosa (2005) o principal objetivo na hibridação não é maximizar a heterose, mas sim a média do cruzamento. Para caracteres e populações que apresentam elevada CEC, genitores divergentes devem ser explorados em combinações híbridas de forma a explorar o efeito heterótico, pois nessas situações a média da família tende a ser superior a média dos respectivos genitores.

Os cruzamentos promissores que se destacaram dos demais por apresentarem altos valores com relação à estimativa dos efeitos de CEC para TCH foram: RB987933 × RB931556 e CTC4 × RB975201 nos dois delineamentos (Tabela 2).

**Tabela 2** – Ordenamento dos 30 cruzamentos de cana-de-açúcar com as maiores capacidades específicas de combinação (CEC) para o caracter tonelada de cana por hectare (TCH) avaliado nos diferentes delineamentos experimentais.

| Delineamento A |           |         | Delineamento B |           |         |
|----------------|-----------|---------|----------------|-----------|---------|
| Mãe            | Pai       | CEC     | Mãe            | Pai       | CEC     |
| RB987933       | RB931556  | 30,1645 | SP83-5073      | RB92579   | 23,3433 |
| RB988082       | RB961003  | 17,075  | CTC4           | RB975201  | 21,5268 |
| CTC4           | RB975201  | 15,5164 | RB987933       | RB931556  | 18,9733 |
| SP70-1143      | RB855035  | 15,2522 | RB947520       | RB928064  | 16,3824 |
| H64-1881       | RB75126   | 14,508  | RB867515       | SP83-2847 | 14,7224 |
| RB987935       | SP83-2847 | 12,5876 | RB965902       | SP83-5073 | 11,9622 |
| SP83-2847      | RB966928  | 12,3531 | RB008344       | RB937570  | 11,9469 |
| RB855035       | SP70-1143 | 9,6575  | RB997751       | RB988082  | 11,1688 |
| RB951541       | RB937570  | 8,1656  | RB951541       | RB937570  | 11,1424 |
| RB986419       | RB92579   | 8,1455  | RB988082       | RB961003  | 8,5364  |
| RB825548       | RB008296  | 8,0668  | SP70-1143      | RB855035  | 7,9212  |
| RB928064       | RB04820   | 7,1277  | RB867515       | SP77-5181 | 7,5627  |
| RB008304       | RB92579   | 7,1117  | RB008342       | RB957712  | 7,5312  |
| RB008133       | RB027046  | 7,0135  | RB008304       | RB92579   | 6,8682  |
| RB961003       | RB931556  | 5,2721  | RB835054       | RB92579   | 6,714   |
| SP83-5073      | RB92579   | 5,2598  | RB016910       | RB987935  | 6,3262  |
| RB867515       | SP77-5181 | 4,9181  | RB987935       | RB951541  | 6,0117  |
| RB975201       | RB835054  | 4,6651  | SP83-5073      | RB965902  | 5,8373  |
| RB977543       | RB008296  | 4,206   | RB966928       | SP83-2847 | 4,9238  |
| RB92579        | RB008078  | 3,6952  | RB935907       | RB937570  | 4,352   |
| RB027060       | RB961003  | 3,5815  | RB977543       | RB008296  | 3,8937  |
| RB935907       | RB937570  | 3,1085  | RB027046       | RB008133  | 3,6196  |
| RB008296       | RB977543  | 2,7184  | RB975201       | CTC4      | 2,7165  |
| RB835054       | RB92579   | 1,9016  | RB876030       | RB928064  | 2,5696  |
| RB961003       | RB951541  | 1,8864  | RB008296       | RB825548  | 2,5445  |
| RB835054       | RB975201  | 1,2939  | RB957751       | RB928064  | 2,007   |
| RB975201       | CTC4      | 1,071   | RB961003       | RB931556  | 1,8262  |
| RB928064       | RB947520  | 0,7458  | H64-1881       | RB75126   | 1,7928  |
| RB867515       | RB965518  | 0,5444  | RB855035       | SP70-1143 | 1,2209  |
| RB937570       | RB987649  | 0,5005  | RB987935       | SP83-2847 | 0,7018  |

\*Delineamento A: delineamento em blocos casualizados com uma planta por parcela e 25 repetições; Delineamento B delineamento em blocos incompletos com 15 plantas por parcela e 3 repetições.

Segundo Bastos et al. (2003) o efeito da CEC deve ser interpretado como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado, com base na CGC de seus genitores, portanto, servindo para evidenciar a importância de interações não-aditivas, resultantes da complementação gênica entre os genitores. Desse modo, o estudo da CEC permite antever a possibilidade de ganho genético com a exploração da heterose. Assim de acordo com Cruz et al. (2012) o melhorista deve procurar por combinações híbridas com médias elevadas e estimativas da CEC mais favoráveis.

**Tabela 3** – Efeitos genéticos aditivos (a) para o caracter tonelada de cana por hectare (TCH) de 51 genitores associado com o número de famílias da qual participaram (n) no ordenamento das melhores famílias de acordo com o valor genotípico (V.G) e as suas classificações nos diferentes delineamentos.

| Genitor   | Delineamento A |                 |   | Delineamento B |               |   |
|-----------|----------------|-----------------|---|----------------|---------------|---|
|           | a              | Classificação** | n | a              | Classificação | n |
| RB931556  | 4,3057         | 1               | 3 | 11,5965        | 5             | 3 |
| RB987933  | 3,6763         | 2               | 3 | 13,97          | 2             | 3 |
| RB961003  | 3,2624         | 3               | 5 | -14,0171       | 49            | 2 |
| SP70-1143 | 3,0359         | 4               | 2 | 6,7313         | 11            | 2 |
| RB855035  | 3,0359         | 5               | 2 | 6,7313         | 10            | 2 |
| RB92579   | 2,0477         | 6               | 5 | 6,6194         | 12            | 3 |
| CTC4      | 2,0216         | 7               | 2 | 17,8503        | 1             | 2 |
| RB975201  | 1,1507         | 8               | 4 | 4,9406         | 17            | 3 |
| RB986419  | 0,9927         | 9               | 1 | -5,3937        | 38            | 0 |
| RB04820   | 0,8687         | 10              | 1 | -4,1665        | 36            | 0 |
| RB008304  | 0,8667         | 11              | 1 | 5,0571         | 16            | 1 |
| RB977543  | 0,8439         | 12              | 2 | -2,1525        | 35            | 1 |
| RB008296  | 0,8435         | 13              | 3 | -1,7935        | 34            | 2 |
| RB966928  | 0,7934         | 14              | 1 | 0,0438         | 29            | 2 |
| SP77-5181 | 0,5994         | 15              | 1 | 5,5684         | 15            | 1 |
| SP83-2847 | 0,5925         | 16              | 2 | 13,8081        | 3             | 5 |
| RB987935  | 0,5284         | 17              | 2 | 9,601          | 7             | 3 |
| RB008078  | 0,4504         | 18              | 1 | -8,2837        | 39            | 0 |
| RB935907  | 0,3789         | 19              | 1 | 3,2044         | 19            | 1 |
| RB965518  | 0,0663         | 20              | 0 | -5,2641        | 37            | 0 |
| RB825548  | -0,0004        | 21              | 1 | 0,359          | 27            | 1 |
| RB016910  | -0,0096        | 22              | 1 | 4,658          | 18            | 1 |
| RB988082  | -0,0234        | 23              | 1 | 0,3214         | 28            | 1 |
| RB027042  | -0,0842        | 24              | 0 | -12,0318       | 47            | 0 |
| RB027046  | -0,1034        | 25              | 1 | 1,9369         | 22            | 2 |
| RB008133  | -0,1034        | 26              | 1 | 1,9369         | 23            | 2 |
| RB957751  | -0,1513        | 27              | 0 | -10,554        | 44            | 0 |
| RB835054  | -0,1769        | 28              | 3 | -12,0235       | 46            | 1 |
| RB928064  | -0,2578        | 29              | 3 | 6,3326         | 13            | 4 |
| RB876030  | -0,4588        | 30              | 0 | 1,892          | 24            | 1 |
| RB947520  | -0,5875        | 31              | 1 | 10,8476        | 6             | 2 |
| RB966920  | -0,6209        | 32              | 0 | -1,4306        | 32            | 0 |
| RB93509   | -0,6209        | 33              | 0 | -1,4306        | 33            | 0 |
| RB975184  | -0,642         | 34              | 0 | -0,1972        | 30            | 0 |
| RB008004  | -0,642         | 35              | 0 | -0,1972        | 31            | 0 |
| RB937570  | -0,735         | 36              | 2 | 2,6707         | 20            | 3 |
| RB008344  | -0,8173        | 37              | 0 | 8,7965         | 8             | 1 |
| H64-1881  | -0,8573        | 38              | 1 | -10,2767       | 43            | 0 |

|           |         |    |   |          |    |   |
|-----------|---------|----|---|----------|----|---|
| RB75126   | -0,8573 | 39 | 1 | -10,2767 | 42 | 0 |
| RB997751  | -1,1737 | 40 | 0 | 8,2235   | 9  | 1 |
| RB027060  | -1,1859 | 41 | 1 | -16,0982 | 50 | 0 |
| RB008342  | -1,2607 | 42 | 0 | 1,7765   | 26 | 1 |
| RB957712  | -1,2607 | 43 | 0 | 1,7765   | 25 | 1 |
| RB951541  | -1,4716 | 44 | 2 | -9,8231  | 41 | 2 |
| RB957506  | -1,6224 | 45 | 0 | -9,603   | 40 | 0 |
| RB855453  | -1,7298 | 46 | 0 | -11,0258 | 45 | 0 |
| TUC717    | -2,199  | 47 | 0 | -17,894  | 51 | 0 |
| RB987649  | -2,3152 | 48 | 0 | -14,0035 | 48 | 0 |
| RB867515  | -2,441  | 49 | 1 | 6,2074   | 14 | 2 |
| SP83-5073 | -2,89   | 50 | 1 | 12,3993  | 4  | 3 |
| RB965902  | -3,0619 | 51 | 0 | 2,0799   | 21 | 2 |

\* Delineamento A: delineamento em blocos casualizados com uma planta por parcela e 25 repetições; Delineamento B: delineamento em blocos incompletos com 15 plantas por parcela e 3 repetições. \*\*Classificação referente aos efeitos genéticos aditivos dos 51 genitores no Delineamento A.

Os genitores RB931556, RB987933, RB855035, estão entre os oito genitores com os maiores efeitos genéticos aditivos nos dois delineamentos utilizados (Tabela 3).

Dentre as 64 famílias avaliadas, 31 e 33 famílias apresentaram médias genotípicas acima da média geral no Delineamento A e B, respectivamente, havendo coincidência de 20 famílias entre os dois delineamentos (Tabela 4).

**Tabela 4** – Valores genotípicos (VG) das famílias de irmãos completos com médias acima da média geral para o caracter tonelada de cana por hectare (TCH) e suas respectivas classificações nos diferentes delineamentos.

| Delineamento A |           |           |        | Delineamento B |           |           |        |
|----------------|-----------|-----------|--------|----------------|-----------|-----------|--------|
| Classificação  | Mãe       | Pai       | VG     | Classificação  | Mãe       | Pai       | VG     |
| 1              | RB987933  | RB931556  | 139,03 | 1              | CTC4      | RB975201  | 109,72 |
| 2              | RB988082  | RB961003  | 123,57 | 2              | SP83-5073 | RB92579   | 109,65 |
| 3              | SP70-1143 | RB855035  | 123,16 | 3              | RB987933  | RB931556  | 108,55 |
| 4              | CTC4      | RB975201  | 121,98 | 4              | RB947520  | RB928064  | 101,77 |
| 5              | H64-1881  | RB75126   | 118,53 | 5              | RB867515  | SP83-2847 | 101,53 |
| 6              | RB987935  | SP83-2847 | 118,02 | 6              | RB965902  | SP83-5073 | 96,00  |
| 7              | SP83-2847 | RB966928  | 117,92 | 7              | RB008344  | RB937570  | 94,48  |
| 8              | RB855035  | SP70-1143 | 117,57 | 8              | RB997751  | RB988082  | 92,24  |
| 9              | RB986419  | RB92579   | 114,54 | 9              | SP70-1143 | RB855035  | 91,45  |
| 10             | RB961003  | RB931556  | 113,93 | 10             | RB975201  | CTC4      | 90,91  |
| 11             | RB008304  | RB92579   | 113,44 | 11             | RB016910  | RB987935  | 90,25  |
| 12             | RB825548  | RB008296  | 113,36 | 12             | RB867515  | SP77-5181 | 90,25  |
| 13             | RB928064  | RB04820   | 112,31 | 13             | SP83-5073 | RB965902  | 89,87  |
| 14             | RB951541  | RB937570  | 111,93 | 14             | RB008304  | RB92579   | 89,50  |
| 15             | RB008133  | RB027046  | 111,78 | 15             | RB987935  | SP83-2847 | 89,20  |
| 16             | RB975201  | RB835054  | 110,03 | 16             | RB966928  | SP83-2847 | 88,65  |
| 17             | RB977543  | RB008296  | 109,92 | 17             | RB008342  | RB957712  | 86,10  |
| 18             | RB92579   | RB008078  | 109,82 | 18             | SP83-2847 | RB975201  | 85,88  |
| 19             | SP83-5073 | RB92579   | 109,71 | 19             | RB855035  | SP70-1143 | 84,75  |
| 20             | RB027060  | RB961003  | 109,49 | 20             | RB951541  | RB937570  | 84,36  |
| 21             | RB867515  | SP77-5181 | 108,87 | 21             | RB935907  | RB937570  | 84,09  |
| 22             | RB008296  | RB977543  | 108,44 | 22             | RB928064  | RB947520  | 83,74  |
| 23             | RB935907  | RB937570  | 107,81 | 23             | RB876030  | RB928064  | 83,48  |
| 24             | RB835054  | RB92579   | 107,71 | 24             | RB987935  | RB951541  | 82,70  |
| 25             | RB961003  | RB951541  | 107,66 | 25             | SP83-2847 | RB966928  | 82,42  |
| 26             | RB975201  | CTC4      | 107,53 | 26             | RB027046  | RB008133  | 82,35  |
| 27             | RB928064  | RB931556  | 106,79 | 27             | RB835054  | RB92579   | 80,81  |
| 28             | RB835054  | RB975201  | 106,66 | 28             | RB928064  | RB931556  | 80,71  |

|    |          |          |        |    |          |          |       |
|----|----------|----------|--------|----|----------|----------|-------|
| 29 | RB961003 | RB988082 | 105,45 | 29 | RB977543 | RB008296 | 78,72 |
| 30 | RB928064 | RB947520 | 105,20 | 30 | RB008296 | RB825548 | 78,62 |
| 31 | RB016910 | RB987935 | 105,05 | 31 | RB988082 | RB961003 | 78,48 |
| -  | -        | -        | -      | 32 | RB008133 | RB027046 | 77,74 |
| -  | -        | -        | -      | 33 | RB961003 | RB931556 | 77,41 |

\*Delineamento A: delineamento em blocos casualizados com uma planta por parcela e 25 repetições; Delineamento B: delineamento em blocos incompletos com 15 plantas por parcela e 3 repetições.

Considerando que os melhoristas devem procurar por combinações híbridas com médias elevadas (Tabela 4 e Tabela 5), estimativas da CEC mais favoráveis (Tabela 2 e tabela 5) e que envolvam pelo menos um dos genitores com elevado efeito genético aditivo, ou seja, com alta capacidade geral de combinação (CGC) (Tabela 3), os cruzamentos mais promissores seriam de acordo com os dois delineamentos seriam RB987933 × RB931556 e CTC4 × RB975201.

**Tabela 5** – Ranking entre capacidades de combinação específica (CEC) e valores genotípicos (VG) para o caracter tonelada de cana por hectare (TCH) e suas respectivas classificações nos diferentes delineamentos.

| Delineamento A |           |           |        |     | Delineamento B |           |           |        |     |
|----------------|-----------|-----------|--------|-----|----------------|-----------|-----------|--------|-----|
| Classificação  | Mãe       | Pai       | VG     | CEC | Classificação  | Mãe       | Pai       | VG     | CEC |
| 1              | RB987933  | RB931556  | 139,03 | 1   | 1              | CTC4      | RB975201  | 109,72 | 2   |
| 2              | RB988082  | RB961003  | 123,57 | 2   | 2              | SP83-5073 | RB92579   | 109,65 | 1   |
| 3              | SP70-1143 | RB855035  | 123,16 | 4   | 3              | RB987933  | RB931556  | 108,55 | 3   |
| 4              | CTC4      | RB975201  | 121,98 | 3   | 4              | RB947520  | RB928064  | 101,77 | 4   |
| 5              | H64-1881  | RB75126   | 118,53 | 5   | 5              | RB867515  | SP83-2847 | 101,53 | 5   |
| 6              | RB987935  | SP83-2847 | 118,02 | 6   | 6              | RB965902  | SP83-5073 | 96,00  | 6   |
| 7              | SP83-2847 | RB966928  | 117,92 | 7   | 7              | RB008344  | RB937570  | 94,48  | 7   |
| 8              | RB855035  | SP70-1143 | 117,57 | 8   | 8              | RB997751  | RB988082  | 92,24  | 8   |
| 9              | RB986419  | RB92579   | 114,54 | 9   | 9              | SP70-1143 | RB855035  | 91,45  | 11  |
| 10             | RB961003  | RB931556  | 113,93 | 15  | 10             | RB975201  | CTC4      | 90,91  | 23  |
| 11             | RB008304  | RB92579   | 113,44 | 13  | 11             | RB016910  | RB987935  | 90,25  | 16  |
| 12             | RB825548  | RB008296  | 113,36 | 11  | 12             | RB867515  | SP77-5181 | 90,25  | 12  |
| 13             | RB928064  | RB04820   | 112,31 | 12  | 13             | SP83-5073 | RB965902  | 89,87  | 18  |
| 14             | RB951541  | RB937570  | 111,93 | 9   | 14             | RB008304  | RB92579   | 89,50  | 14  |
| 15             | RB008133  | RB027046  | 111,78 | 14  | 15             | RB987935  | SP83-2847 | 89,20  | 30  |
| 16             | RB975201  | RB835054  | 110,03 | 18  | 16             | RB966928  | SP83-2847 | 88,65  | 19  |
| 17             | RB977543  | RB008296  | 109,92 | 19  | 17             | RB008342  | RB957712  | 86,10  | 13  |
| 18             | RB92579   | RB008078  | 109,82 | 20  | 18             | SP83-2847 | RB975201  | 85,88  | -   |
| 19             | SP83-5073 | RB92579   | 109,71 | 16  | 19             | RB855035  | SP70-1143 | 84,75  | 29  |
| 20             | RB027060  | RB961003  | 109,49 | 21  | 20             | RB951541  | RB937570  | 84,36  | 9   |
| 21             | RB867515  | SP77-5181 | 108,87 | 17  | 21             | RB935907  | RB937570  | 84,09  | 20  |
| 22             | RB008296  | RB977543  | 108,44 | 23  | 22             | RB928064  | RB947520  | 83,74  | 28  |
| 23             | RB935907  | RB937570  | 107,81 | 22  | 23             | RB876030  | RB928064  | 83,48  | 24  |
| 24             | RB835054  | RB92579   | 107,71 | 24  | 24             | RB987935  | RB951541  | 82,70  | 17  |
| 25             | RB961003  | RB951541  | 107,66 | 25  | 25             | SP83-2847 | RB966928  | 82,42  | -   |
| 26             | RB975201  | CTC4      | 107,53 | 27  | 26             | RB027046  | RB008133  | 82,35  | 22  |
| 27             | RB928064  | RB931556  | 106,79 | -   | 27             | RB835054  | RB92579   | 80,81  | 15  |
| 28             | RB835054  | RB975201  | 106,66 | 26  | 28             | RB928064  | RB931556  | 80,71  | -   |
| 29             | RB961003  | RB988082  | 105,45 | -   | 29             | RB977543  | RB008296  | 78,72  | 21  |
| 30             | RB928064  | RB947520  | 105,20 | 28  | 30             | RB008296  | RB825548  | 78,62  | 25  |
| 31             | RB016910  | RB987935  | 105,05 | -   | 31             | RB988082  | RB961003  | 78,48  | 10  |
| -              | -         | -         | -      | -   | 32             | RB008133  | RB027046  | 77,74  | -   |
| -              | -         | -         | -      | -   | 33             | RB961003  | RB931556  | 77,41  | -   |

\* Delineamento A: delineamento em blocos casualizados com uma planta por parcela e 25 repetições; Delineamento B: delineamento em blocos incompletos com 15 plantas por parcela e 3 repetições.

## **5. CONCLUSÃO**

Houve coincidência entre os dois delineamentos avaliados na identificação das melhores famílias, nas estimativas da capacidade geral e específica de combinação e na identificação da predominância dos efeitos de dominância nos caracteres peso média de colmos e tonelada de colmos por hectare, assim como da predominância dos efeitos aditivos sob o caráter número médio de colmos.

Embora o coeficiente de variação experimental tenha sido alto para todos os caracteres no delineamento com 25 repetições, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo para médias de famílias foram elevadas, e as herdabilidades genotípicas individuais foram mais confiáveis.

O experimento com 25 repetições e uma única planta por parcela podem ser uma alternativa viável para os programas de melhoramento, pois fornece informações importantes para a escolha de genitores, cruzamentos e na seleção de famílias.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento (2016) Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar. Safra 2016/17 - Terceiro levantamento. Conab: v.3, 2016, 74p.
- Bailey, R.A. (2004) Diseases. In: G. James (editor): Sugarcane: Second Edition. Blackwell Publishing: 54-77.
- Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Bressiani, J.A.; Silveira, L.C.I.; Peternelli, L.A. (2005) Selection of sugarcane families and parentes by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.5, p.443-450.
- Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Peternelli, L.A.; Bressiani, J. A.; Silveira, L.C.I.; Silva, F.L.; Figueiredo, I.C.R. (2004) Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.4, p.218-226.
- Barbosa, M.H.P.; Silveira, L.C.I (2012) Breeding and Cultivar Recommendations. In: Santos, F.; Borém, A. e Caldas, C. Editores. Sugarcane: Bioenergy, Sugar and Ethanol - Technology and Prospects. Viçosa, MG – Suprema, 568p.
- Brasileiro, B.P.; P. Mendes, T.O.; Peternelli, L.A.; Silveira, L.C. I.; Resende, M.D.V.;Barbosa, M.H.P. (2016) Simulated Individual Best Linear Unbiased Prediction versus Mass selection in Sugarcane Families. *Crop Science*, v.56, p.570-575.
- Brasileiro, B. P., Marinho, C. D., Costa, P. M. A., Cruz, C. D., Peternelli, L. A. & Barbosa, M. H. P. (2015). Selection in sugarcane families with artificial neural networks. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.15, p.72-78.
- Bastos, I.T.; Barbosa, M.H.P.; Cruz, C.D.; Burnquist, W.L.; Bressiani, J.A.; Silva, F.L. (2003) Análise dialéctica em clones de cana-de-açúcar. *Bragantia*, v.62, p.199-206.
- Carvalho, M.P. (2012) Efficiency of among and within family selection in plant breeding through simulation. Viçosa. UFV. 56p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Editora UFV, Viçosa.
- Hogarth, D.M.; Berding, N. (2006) Breeding for a better industry: Conventional breeding. *Sugarcane International*, v.24, p.26-31.
- Hogarth, D.M. (1977) Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, v. 28, p. 257-268.
- Hogarth, D.M.; Wu, K.K.; Heinz, D.J. (1981) Estimating genetic variance in sugarcane using a factorial cross desing. *Crop Science*, v. 21, p. 21-251.

- Leite, M.S.O.; Peternelli, L.A.; Barbosa, M.H.P.; Cecon, P.R.; Cruz, C. D.(2009) Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, p. 1562-1574, 2009.
- Leslie, G. (2004). Pests of sugarcane. In: G. James (editor): *Sugarcane: Second Edition*. Blackwell Publishing: p.78-100.
- Liu G.; Zhou H.; Hu, H.; Zhu, Z.; Hayat, Y.; Xu, H.; Yang, J. (2007) Genetic analysis for brix weight per stool and its component traits in sugarcane (*Saccharum officinarum*). *Journal of Zhejiang University*, v.8, p.860-866.
- Oliveira, R.A.; Daros, E.; Bessalho Filho, J.C.; Zambon, J.L.C.; Ido, O.T.; Weber, H.; Resende, M.D.V.; Zeni Neto, H. (2008) Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia Agraria*, v.9, p.269-274.
- Oliveira, R.A.; Daros, E.; Resende, M.D.V.; Bessalho-Filho, J.C.; Zambon, J.L.C.; De Souza, T.R.; Lucius, A.S.F. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. *Bragantia*, Campinas, v.70, p.1-5, 2011.
- Resende, M.D.V; Barbosa, M.H.P. (2005) Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada. *Embrapa Informação Tecnológica: Colombo*. 130p.
- Resende, M.D.V.; Barbosa, M.H.P. (2006) Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.41, p.421-429.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975 p.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Slegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.16, p.330-339.
- Resende, M.D.V.; Duarte, J.B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v.37, p.182-194.
- Silva, F.L.; Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Peternelli, L.A.; Pedrozo, C.A. (2015) Efficiency of selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.15, p.1-9.
- Stringer, J.K.; Cox, M.C.; Atkin, F.C.; Wei, X.; Hogarth, D.M. (2011) Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. *Sugar Tech*, v.13, p.36-41.
- Zhou, M.M. (2004) Performance of varieties N14 and NCo376 in the South East Lowveld of Zimbabwe. *Proceedings of the South African Sugarcane Technologists Association*, v.78, p.153-160.