

**AMANDA EMANUELLA ROCHA DE SOUZA**

**ANÁLISES MULTIVARIADAS APLICADAS NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS  
NAS FASES INICIAIS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-  
AÇÚCAR**

**RECIFE**

**2011**

**AMANDA EMANUELLA ROCHA DE SOUZA**

**ANÁLISES MULTIVARIADAS APLICADAS NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS  
NAS FASES INICIAIS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-  
AÇÚCAR**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia – “Melhoramento Genético de Plantas”, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas.

**COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:**

Professor Dr. Francisco José de Oliveira – Orientador – UFRPE

Professor Dr. Péricles de Albuquerque Melo Filho – Co-orientador – UFRPE

RECIFE – PE, BRASIL

FEVEREIRO, 2011

Ficha catalográfica

S729a Souza, Amanda Emanuella Rocha de  
Análises multivariadas aplicadas na seleção de famílias nas fases iniciais do  
melhoramento genético de cana-de-açúcar / Amanda Emanuella Rocha de Souza.--  
2011.  
84 f.: il.

Orientador: Francisco José de Oliveira.  
Dissertação (Mestrado em Agronomia – Melhoramento Genético de Plantas) –  
Universidade Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Agronomia, Recife,  
2011.  
Inclui referências e anexo.

1. *Saccharum* spp. 2. Cana-de-Açúcar 3. Seleção  
4. Divergência genética 5. Análise de trilha 6. Multivariadas  
I. Oliveira, Francisco José de, orientador II. Título

CDD 631.53

**AMANDA EMANUELLA ROCHA DE SOUZA**

**ANÁLISES MULTIVARIADAS APLICADAS NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS  
NAS FASES INICIAIS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-  
AÇÚCAR**

Dissertação defendida e aprovada pela Banca Examinadora em: 28/02/2011.

**ORIENTADOR:**

---

Prof<sup>o</sup>. Dr. Francisco José de Oliveira – UFRPE

**EXAMINADORES:**

---

Prof<sup>o</sup>. Dr. Clodoaldo José da Anunciação Filho – UFRPE

---

Prof<sup>o</sup>. Dr. Péricles de Albuquerque Melo Filho – UFRPE

---

Dr. José Nildo Tabosa – IPA

RECIFE – PE, BRASIL

FEVEREIRO, 2011

"Embora ninguém possa voltar atrás e fazer um novo começo, qualquer um pode começar agora e fazer um novo fim".

**Chico Xavier**

Aos meus pais, Lucileide e André, que me  
deram carinho, incentivo, confiança e  
compreensão em todos os momentos da minha  
vida,

Ao meu namorado, Francimar, pelo amor,  
carinho, estímulo e dedicação, me ajudando e  
fortalecendo a trilhar este caminho,

**Dedico.**

## AGRADECIMENTOS

A Deus por mais essa existência e por ter-me permitido chegar a este patamar de realizações;

A minha família, em especial aos meus pais, Lucileide e André, minha irmã Helena e minhas avós, Helena Rocha e Jandira Manso, que se dedicaram imensamente para que todos os meus sonhos se tornassem possíveis.

Ao meu namorado Francimar, pelo amor, companheirismo, dedicação e principalmente por estar sempre ao meu lado em todos os momentos.

Ao Prof. Francisco José de Oliveira, pela orientação, ensinamentos, amizade e confiança depositada na realização deste trabalho;

Aos Professores Clodoaldo José da Anunciação Filho e Gerson Quirino Bastos, pelo incentivo e apoio para realizar o mestrado, e principalmente pela amizade;

Aos amigos e amigas, Alexandra, Anailza, André, Dheisy, Gemima, Kessya, Lela e Poli, pela amizade, companheirismo e por todos os momentos que passamos juntos.

A todos os colegas do mestrado, Aurélia, Carliane, Gemima, Geórgia, Kaliny, Morgana, Paulo, Silvany e Uiara, pelos momentos agradáveis de estudos, descontração e amizade.

A todos os professores e funcionários do Curso de Pós-Graduação em Agronomia – Melhoramento Genético de Plantas – UFRPE.

A toda equipe da EECAC (Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina-PMGCA/UFRPE/RIDESIA), pelo indispensável apoio durante o desenvolvimento da pesquisa, nas pessoas representadas por Luiz José Oliveira Tavares de Melo - Coordenador do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar; Djalma Euzébio Simões Neto - Diretor da EECAC e o Técnico Gilberto Eduardo Ferreira.

A Bernadete Lemos, secretária do Curso de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, por sempre me ajudar quando precisei, e principalmente pela amizade e apoio;

A Universidade Federal Rural de Pernambuco, pela oportunidade de realização dos cursos de Graduação e Pós-Graduação;

A Usina São José (PE), e toda sua equipe, pelo apoio e suporte para a realização deste projeto;

Ao CNPq (Conselho Nacional de Apoio a Pesquisa), pela concessão de auxílio financeiro.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.



## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO II - SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RB VISANDO ALTA PRODUTIVIDADE E PRECOCIDADE NA MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Páginas

**Tabela 1.** Agrupamento de médias referente às variáveis número médio de colmos (NMC), diâmetro médio dos colmos (DMC), altura média dos colmos (AMC), peso médio dos colmos (PMC), toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de brix por hectare (TBH), pol na cana (PC), brix na cana (BC), fibra % cana (FIB), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR). PE, 2011..... 58

**Tabela 2.** Estimativas das distâncias entre as dez famílias (FA) de cana-de-açúcar quantificadas pelo método das distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ). PE, 2011 ..... 60

**Tabela 3.** Importância relativa de 12 caracteres agroindustriais para estudo da diversidade genética entre dez famílias de cana-de-açúcar, segundo critério de Singh (1981) e parâmetros associados a essas características. PE, 2011..... 62

**Tabela 4.** Formação dos grupos de dissimilaridade pelo método de Tocher a partir das distâncias de Mahalanobis estimadas para as dez famílias RB de cana-de-açúcar, avaliados para doze caracteres agroindustriais. PE, 2011 ..... 64

**Tabela 5.** Análise de trilha fenotípica dos componentes de produção número médio de colmos (NMC), altura média de colmos (AMC) e diâmetro médio de colmos (DMC) sobre a variável principal toneladas de cana por hectare (TCH). Recife (PE), 2011 ..... 67

**Tabela 6.** Análise de trilha fenotípica dos componentes de produção altura média de colmos (AMC) e diâmetro médio de colmos (DMC) sobre peso médio de colmos (PMC). PE, 2011..... 68

**Tabela 7.** Análise de trilha fenotípica dos componentes tecnológicos brix na cana (BC), fibra % cana (FIB), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR) sobre pol na cana (PC). PE, 2011 ..... 69

**Tabela 8.** Análise de trilha fenotípica dos componentes toneladas de cana por hectare (TCH) e pol na cana (PC) sobre a produtividade em açúcar (TPH). PE, 2011 ..... 70

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO II - SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RB VISANDO ALTA PRODUTIVIDADE E PRECOCIDADE NA MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Páginas

**Figura 1.** Diagrama causal ilustrativo dos efeitos diretos e indiretos dos componentes de produção (Fig. 1a) altura média do colmo (AMC), diâmetro médio do colmo (DMC) e número médio de colmos (NMC) sobre toneladas de colmos por hectare (TCH); (Fig. 1b) AMC e DMC sobre peso médio de colmos (PMC); (Fig. 1c) componentes tecnológicos brix % cana (BC), fibra % cana (FIB) e pureza % caldo da cana (PUR) sobre o teor de açúcar (PC); (Fig. 1d) TCH e PC sobre a produtividade de açúcar (TPH). A seta unidirecional indica efeito direto de cada variável explicativa sobre a principal; a seta bidirecional representa a interdependência de duas variáveis explicativas, cuja magnitude é quantificada pela correlação fenotípica entre elas; e  $\mu$  para cada figura corresponde ao efeito residual ..... 54

**Figura 2.** Dendograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), com base na distância de Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ), para as dez famílias de cana-de-açúcar. PE, 2011 ..... 65

## LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

RIDESA - Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do setor Sucroalcooleiro;

IAC - Instituto Agrônomo de Campinas;

CTC - Centro de Tecnologia Canavieira;

UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco;

IFES - Instituições Federais de Ensino Superior;

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

ATR - açúcar total recuperável;

PC - pol na cana;

NMC - número médio de colmos;

DMC - diâmetro médio de colmos;

PMC - peso médio de colmos;

AMC - altura média de colmos;

TCH - tonelada de cana por hectare;

TPH - tonelada de pol por hectare;

TBH - tonelada de brix por hectare;

CV<sub>E</sub> - coeficiente de variação experimental;

BC - brix na cana;

FIB - fibra % na cana;

PUR - pureza na cana;

D<sup>2</sup> - distâncias generalizadas de Mahalanobis;

h<sup>2</sup><sub>a</sub> - herdabilidade no sentido amplo;

FA – família;

$S_j$ : contribuição da variável  $x$  para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$R^2$  – Coeficiente de determinação;

RB – República do Brasil.

## SUMÁRIO

	<b>Página</b>
<b>LISTA DE TABELAS.....</b>	<b>ix</b>
<b>LISTA DE FIGURAS .....</b>	<b>xi</b>
<b>LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS .....</b>	<b>xii</b>
<b>CAPÍTULO I .....</b>	<b>15</b>
1. INTRODUÇÃO GERAL .....	16
1.1. Importância e panorama atual da cana-de-açúcar no Brasil.....	16
1.2. Características morfológicas e parâmetros biométricos da cana-de-açúcar.....	17
1.3. Atributos tecnológicos da cana-de-açúcar .....	18
1.4. Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar no Brasil .....	19
1.4.1. Seleção de famílias na fase inicial do melhoramento .....	22
1.4.2. A importância da genética quantitativa para o melhoramento da cana-de-açúcar....	24
1.5. Análise de trilha .....	31
1.6. Divergência genética em cana-de-açúcar.....	33
1.7. Análise de Agrupamento .....	35
2. REFERÊNCIAS.....	36
<b>CAPÍTULO II.....</b>	<b>46</b>
RESUMO .....	48
ABSTRACT .....	49
1. INTRODUÇÃO .....	50
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	52
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	55
4. CONCLUSÕES .....	70
AGRADECIMENTOS .....	71
REFERÊNCIAS.....	71
ANEXO .....	74
NORMAS DA REVISTA BRAGANTIA.....	77

## **CAPÍTULO I**

---

### **INTRODUÇÃO GERAL**

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

### 1.1. Importância e panorama atual da cana-de-açúcar no Brasil

A importância da cana-de-açúcar pode ser atribuída à sua múltipla utilização, podendo ser empregada *in natura*, sob a forma de forragem, para alimentação animal, ou como matéria-prima para a fabricação de rapadura, melado, aguardente, açúcar e álcool. Com destaque para a produção de açúcar (o ouro branco) e etanol (energia).

Atualmente, a cana-de-açúcar é uma das principais espécies agrícolas cultivadas no Brasil com produção anual em torno de 604 milhões de toneladas, colhidas em aproximadamente 7,4 milhões de hectares (CONAB, 2010). A cultura desempenha um importante papel como geradora de emprego, renda e divisas para o País, líder mundial na exportação dos dois principais derivados da cana-de-açúcar, o açúcar e o etanol.

Nesse cenário, a região Nordeste ocupa a terceira posição no ranque da produção nacional com mais de 60,7 milhões de toneladas. Pernambuco se destaca com uma produção superior a 17,8 milhões de toneladas de cana destinada a indústria sucroalcooleira, cuja produção atual o classifica como segundo maior produtor do Nordeste (CONAB, 2010). Portanto é indiscutível a importância da cana-de-açúcar para economia da Região Nordeste, particularmente para o Estado de Pernambuco. O Estado de Pernambuco possui mais de 400 mil hectares com a cultura, sendo seguramente o de maior complexidade para a pesquisa canavieira, e conseqüentemente para a produção. Suas peculiaridades tais como grande variação de solos, topografia e má distribuição da precipitação pluvial entre regiões, exigem grandes esforços para obtenção e introdução de novas variedades e para um adequado manejo varietal nas 24 unidades produtoras (RIDESA, 2010).



## 1.2. Características morfológicas e parâmetros biométricos da cana-de-açúcar

O colmo da cana-de-açúcar é constituído de um cilindro sólido cheio e fibroso, com os espaços livres entre os vasos vasculares ocupados por um tecido parenquimatoso com células ricas em açúcar. É dividido em nós e entrenós e seu comprimento pode atingir a amplitude de 2,0 a 5,0 m sendo, que em alguns casos alcançam até 6,0 m, principalmente quando deitam. O diâmetro varia entre 2 e 5 cm e a distância dos nós oscila de 5 cm a um máximo de 22 cm (BRASIL, 2004).

Um perfilho é uma ramificação originária da base da planta ou da região axilar da folha basal, sendo geralmente característico das gramíneas. A intensidade do perfilhamento é variável entre as diferentes cultivares, podendo ocorrer entre três a cinco meses após o plantio (10 a 20 perfilhos), com posterior decréscimo no número de brotações, em virtude da competição natural por luz, água e nutrientes. Os canaviais apresentam, em média, 12 a 16 colmos em idade de corte por metro linear (CASTRO E CHRISTOFOLETTI, 2005). O perfilhamento é um dos fatores mais importantes dentro da cultura da cana-de-açúcar, pois é ele que determina o número de colmos para a produção de cana e açúcar (CAMARGO, 1970). Segundo CASAGRANDE (1991), o modo de perfilhamento pode variar de cultivar para cultivar, dependendo das características genéticas de cada uma.

Os componentes de produção, tais como, número de colmos por área e peso por colmo são caracteres que estão diretamente envolvidos no componente tonelada de cana-de-açúcar por hectare, sendo este último, composto pelos caracteres diâmetro, altura e densidade. A produtividade de cana-de-açúcar, por sua vez, está diretamente ligada ao componente tonelada de açúcar por hectare (TPH), que é considerada a variável mais importante em programas de melhoramento de cana-de-açúcar (BRESSIANI, 2001).

A produção de açúcar por hectare envolve os componentes: produtividade de colmos (TCH, toneladas de colmos por hectare) e teor de sacarose na cana-de-açúcar (pol na cana).

A produtividade de colmos (TCH) é calculada por meio da transformação do peso total das parcelas em toneladas por hectare. A altura de colmos, número de perfilhos e o diâmetro de colmos são componentes de produção determinantes para o potencial agrícola.

Para estimativa do TCH biométrico, adotam-se os seguintes critérios: Altura do colmo: medido da base à inserção da folha +1, amostrando-se dez colmos na parcela; Diâmetro do colmo: estimado nos mesmos dez colmos, mensurado no meio do internódio na altura dada por um terço de comprimento do colmo; Número de colmos: estimado pela contagem dos colmos de todas as linhas da parcela.

### **1.3. Atributos tecnológicos da cana-de-açúcar**

A qualidade da cana-de-açúcar como matéria prima industrial pode ser definida por uma série de características intrínsecas da própria variedade, e também alterada pelos manejos agrícola e industrial, que definem seu potencial para produção de açúcar e álcool. Sob os aspectos tecnológicos, os colmos são constituídos de caldo e de fibra (FERNANDES, 2003).

Segundo STUPIELLO (1987), a qualidade da cana-de-açúcar depende de um grupo de atributos e não se deve apenas considerar como um sinônimo do conteúdo de sacarose, ainda que seja o parâmetro mais importante. Alguns dos diversos atributos considerados para indicar a qualidade são: pol na cana, brix na cana, açúcares redutores, pureza e fibra da cana.

De acordo com BARBOSA et al., 2000, nas primeiras fases de seleção, as plantas que apresentarem algumas características consideradas importantes, dentre elas o brix na cana, os clones que obtiverem valores dessa variável, semelhante ou superior aos valores das

variedades-padrão, são preferencialmente selecionadas. Também são tomados o peso médio de colmos e número de colmos para estimar o kg de brix por área. Os clones de kg brix superior às variedades-padrão têm sido selecionados considerando-se também as demais características. Obtêm-se também os valores de pol na cana, açúcares redutores e fibra, amostrando-se dez colmos, para análise tecnológica em laboratórios das usinas e destilarias.

A alta produção de açúcar por unidade de área, ou seja, toneladas de açúcar por hectare (TPH) é o caráter mais importante considerado nos diversos programas de melhoramento de cana-de-açúcar. Os componentes envolvidos na tonelagem de açúcar são a tonelagem de cana por hectare (TCH) e o teor de açúcar da cana (PC – Pol na cana) (CONSECANA, 2000).

Estes atributos tecnológicos somados aos biométricos são os caracteres mais considerados na seleção de novas variedades nos diversos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar.

#### **1.4. Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar no Brasil**

A obtenção de novas variedades de cana-de-açúcar representa um dos fatores que mais contribui para o aumento da produtividade da cana-de-açúcar no Brasil. Para isto, a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do setor Sucroalcooleiro (RIDESA) busca diversas alternativas (variedades precoces, médias e tardias) para os distintos ambientes agroecológicos do Brasil, proporcionando níveis adequados de produtividade nas variedades RB, sigla que significa República do Brasil, liberadas pela RIDESA, além de sempre buscar genótipos mais resistentes a doenças graves, como ferrugem marrom e o carvão. Como resultado, nota-se que a tecnologia “variedades RB” vêm sendo crescentemente adotadas

pelos agricultores canavieiros no Brasil e no mundo. Atualmente no acervo varietal da RIDESA conta com 78 variedades com aptidões de cultivo para todo o Brasil (RIDESA, 2010).

A adoção da tecnologia de novas variedades é o que tem contribuído para o avanço sustentável do setor, pois ao considerar o avanço em produtividade que ocorreu com a cana-de-açúcar nos últimos 40 anos, verificou-se aumento em mais de 30% na produtividade média e também evolução significativa na qualidade da matéria-prima. Neste sentido, a liberação de novas variedades disponíveis no mercado aliado ao manejo adequado pode contribuir para elevação da produtividade com menores custos de produção.

De acordo com o censo varietal 2009, realizada pela RIDESA considerando todas as IFES (Instituições Federais de Ensino Superior), participantes do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da RIDESA, atualmente as variedades RB ocupam 58% dos canaviais do País, chegando em algumas regiões a representar áreas superiores a 70%. Ao considerar os últimos censos realizados pela RIDESA verificou-se tendência crescente na área plantada com variedades RB impulsionadas principalmente pela liberação de novas variedades que tiveram plantio expressivo em todo território nacional (RIDESA, 2010).

A estratégia básica do PMGCA-RIDESA (Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da RIDESA) para obtenção de novas variedades RB baseia-se em cruzamentos sexuais de indivíduos superiores, que são realizados visando à seleção de genótipos que apresentem características vantajosas em produtividade agroindustrial e tolerância aos principais estresses bióticos e abióticos.

O aumento da produtividade industrial via matéria-prima de melhor qualidade é uma das metas mais importantes dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar. Por isso, a precocidade de maturação é uma característica bastante perseguida, pois é no período inicial da safra que se tem maior falta de matéria-prima com alta riqueza sacarina.

ROSSE et al. (2002), afirma que a cana-de-açúcar é um dos principais produtos no cenário econômico e social brasileiro, e o seu sucesso está ligado ao melhoramento genético com seleção de novas variedades.

Segundo BARBOSA et al. (2000), o melhoramento genético foi fundamental para o desenvolvimento do setor canavieiro nacional, propiciando ganhos elevados tanto em produtividade quanto em qualidade, principalmente nas últimas três décadas. Nesse período, a média de produtividade da cana-de-açúcar teve mais de 30% de aumento (FERREIRA et al., 2005).

As variedades de cana-de-açúcar são alvos com o tempo de uma degenerescência que atinge a capacidade produtiva das variedades comerciais. Constitui o principal problema da lavoura da cana-de-açúcar, a queda de produção ou degenerescência das cultivares relacionada a aspectos fitossanitários (BASSINELO et al., 1984). KING et al. (1965) citam as principais causas da degenerescência podendo ser atribuídas a vários fatores ligados ao ambiente de cultivo, como a queda da fertilidade do solo, efeito cumulativo de moléstias e pragas e existência de moléstias sem sintomas visíveis ou ainda não identificadas. Por este e outros motivos, há necessidade de pesquisar constantemente novas variedades selecionadas para o local de exploração, que possibilitem a manutenção do processo produtivo com aumento de produtividade agrícola e industrial e segurança de crescimento da produção. Na realidade, o tempo de permanência das variedades no elenco comercial é reduzido, pois algumas chegam a ter um ciclo muito curto (4 a 5 cortes), sendo substituídas imediatamente devido a problemas agronômicos ou porque outras novas variedades colocadas à disposição dos produtores são superiores considerando alguns parâmetros agroindustriais de qualidade (STUPIELLO, 2002).

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil são: o programa do Instituto Agrônomo de Campinas – IAC; o do Centro de Tecnologia Canavieira – CTC; o das universidades federais que compõem a Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA; e o programa mais recente, Canavialis (Monsanto) (BARBOSA e SILVEIRA, 2010; PEDROZO, 2006).

#### **1.4.1. Seleção de famílias na fase inicial do melhoramento**

Na seleção de famílias em cana-de-açúcar, progênies inteiras, são selecionadas ou rejeitadas como unidade de acordo com seu valor fenotípico médio. Valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam a média das famílias (DINARDO-MIRANDA, 2010).

A circunstância principal sob a qual a seleção de famílias é preferida ocorre quando o caráter selecionado apresenta baixa herdabilidade. A eficiência da seleção de famílias baseia-se no fato de que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tendem a se anular. Dessa forma, o valor fenotípico médio da família aproxima-se do valor genotípico médio, e as vantagens obtidas serão maiores quando os desvios do ambiente constituírem uma grande parte da variância fenotípica, ou, em outras palavras, quando a herdabilidade for baixa (FALCONER e MACKAY, 1996).

Por outro lado, a variação do ambiente comum aos membros da família diminui a eficiência de sua seleção. Se este componente for grande, ele tenderá a confundir as diferenças genéticas entre as famílias, tornando a seleção ineficiente. Outro fator importante, na eficiência da seleção de famílias, diz respeito ao número de indivíduos na família. Quanto maior for o seu tamanho maior será a correspondência entre o valor fenotípico médio e o

valor genotípico médio. Dessa forma, as condições que irão favorecer a seleção de famílias são: baixa herdabilidade, pequenas variações atribuídas ao ambiente comum e famílias grandes (FALCONER e MACKAY,1996).

Diversos programas de melhoramento da cana-de-açúcar no mundo têm praticado rotineiramente seleção de famílias antes da obtenção dos clones (COX et al., 2000; BRESSIANI, 2001; KIMBENG e COX, 2003), sobretudo para caracteres cuja herdabilidade baseada nas médias de famílias tem se mostrado superior a herdabilidade com base em plantas individuais, tal como a produção de colmos.

De qualquer forma, a obtenção dos clones passa necessariamente, pela avaliação visual dos indivíduos, seja ela realizada em famílias previamente selecionadas ou não. Nesta fase, é comum a prática de seleção indireta para o caráter principal, ou seja, produção de colmos via altura de plantas, número e diâmetro de colmos da touceira. Melhoristas de cana-de-açúcar concordam que a seleção nesta primeira etapa não deve ser intensa, tendo em vista que estes caracteres apresentam baixa herdabilidade (HOGARTH et al., 1997).

Segundo SKINNER et al. (1987), a seleção individual na fase inicial do programa de melhoramento apresenta baixa eficiência quando comparada com as subseqüentes fases de seleção. Este fato é decorrente dos baixos valores de herdabilidade encontrado para alguns caracteres, tais como altura, diâmetro e número de colmos. De acordo com MATSUOKA et al. (2005) e BRESSIANI (2001), as melhores estratégias a serem consideradas nesta fase é a seleção massal, realizada com alta intensidade apenas para os caracteres de alta herdabilidade, como brix e resistência a doenças ou a seleção de famílias.

BARBOSA et al. (2005) e RESENDE et al. (2005) relatam que a seleção quando praticada em famílias com elevados valores genotípicos pode possibilitar maior probabilidade de encontrar genótipos superiores em suas respectivas progênes.

Com o objetivo de melhorar a eficácia da seleção em nível de indivíduos, diversos programas de melhoramento da cana-de-açúcar das IFES têm utilizado a seleção de famílias, que poderá ser otimizada se ênfase for dada aos componentes da produção que melhor se correlacionarem com a produtividade de açúcar por hectare dos clones em gerações futuras (PEDROZA, 2006).

#### **1.4.2. A importância da genética quantitativa para o melhoramento da cana-de-açúcar**

Algumas aplicações da genética quantitativa têm sido usadas em programas de melhoramento da cana-de-açúcar como podem ser observadas na revisão detalhada sobre o assunto por LANDELL e BRESSIANI (2008), a seguir discriminadas segundo BRESSIANI e LANDELL (2010).

a) HíbridaçãO – Os melhoristas têm desenvolvido seus próprios processos de híbridaçãO e seleçãO que buscam a produçãO de clones elite, tanto para uso como parental quanto para a seleçãO de novas cultivares, mais adaptadas ao ambiente local, resistente as pragas e doençAs, com ganhos de produtividade sob condições favoráveis e mais adequados ao manejo agrônômico. Os cruzamentos biparentais (aqueles que se utilizam de apenas dois parentais para o cruzamento) sãO mais populares na maioria das estações de cruzamento, embora policruzamentos (aqueles que se utilizam de diversos parentais masculinos com um único parental feminino) ainda sejam realizados como uma medida econômica e eficiente para se produzir grande quantidade de sementes. Normalmente os policruzamentos sãO considerados de qualidade inferior, visto que sãO capazes de predizer apenas a capacidade geral de combinaçãO do parental (CGC). Já os biparentais sãO considerados mais



informativos, pois além de predizerem a CGC, predizem também a capacidade específica de combinação (CEC).

Os métodos de melhoramento tradicional de cana-de-açúcar podem ser agrupados em três etapas: (I) seleção de parentais; (II) hibridação utilizando-se de cruzamentos biparentais ou policruzamentos; e (III) seleção na progênie de indivíduos superiores durante vários estágios de propagação clonal. Os clones selecionados serão multiplicados em uma estação de cruzamentos como nova fonte de material, enquanto que parentais utilizados por muitas temporadas de cruzamento ou que apresentam baixo desempenho de progênie serão descartados ou inativados.

b) Seleção - As populações utilizadas para a seleção geralmente são produzidas por cruzamentos de cultivares comerciais e/ou clones pré-comerciais. Estes cruzamentos são denominados biparentais, quando envolvem dois clones e multiparentais ou policruzamentos quando envolvem um número maior de clones. Estes cruzamentos geram populações com variabilidade genética devido a heterozigose dos clones.

c) Procedimentos de seleção clonal - Conforme SOUZA JR. (1995), a distribuição dos dados de um caráter quantitativo frequentemente se ajusta a uma distribuição normal. Para um caráter complexo como a produtividade (TCH), por exemplo, geralmente estes dados referem-se as médias de tratamentos que foram avaliados em experimentos com repetições em diversos locais e/ou condições de ambiente. Assim, estas médias, que são valores fenotípicos, aproximam-se dos respectivos valores genotípicos e as variações das interações dos genótipos com ambientes são diminuídas devido ao uso de repetições e avaliações em diversos ambientes. Desta forma, pode-se considerar que a distribuição dos valores médios fenotípicos refere-se, também, a distribuição dos valores genotípicos.

Após os cruzamentos, a população gerada passa por uma seleção individual para os caracteres de alta herdabilidade, descartando-se as plantas em que estes caracteres estão abaixo dos níveis mínimos exigidos. Geralmente, nesta fase têm-se milhares de plantas e aquelas selecionadas são clonadas para se iniciar a avaliação em experimentos com repetições. Inicialmente, têm-se muitos genótipos e pouco material de cada genótipo e, devido a isso, utilizam-se parcelas pequenas com poucas repetições e em geral apenas um local. A precisão experimental é baixa e não permite que a taxa de seleção seja reduzida, tendo-se na realidade apenas descarte de genótipos inferiores. A medida que o número de entradas (genótipos) diminui gradativamente com as etapas de seleção, aumenta-se, de forma gradativa, o número de repetições, o número de locais em avaliação e, também, utilizam-se parcelas maiores. Assim, aos poucos, aumenta-se a precisão experimental e conseqüentemente diminui-se a taxa de seleção em cada etapa de avaliação. Nas avaliações finais tem-se poucos genótipos, as parcelas são maiores, o número de repetições por local e o número de locais são elevados de forma que a precisão experimental é alta o suficiente para permitir identificar e selecionar “o genótipo superior” (SOUZA JR., 1989). A seleção, portanto, é praticada em etapas, de forma que à medida que aumenta a quantidade de repetições por genótipo, aumenta-se a precisão experimental e, conseqüentemente, reduz-se a taxa de seleção até o ponto em que é possível identificar com precisão o genótipo ou genótipos superiores.

d) Seleção individual ou massal — Na seleção individual as plantas são selecionadas apenas de acordo com seus valores fenotípicos. Este método é, usualmente, o mais simples para operar e, em muita circunstancia, produz a resposta mais rápida. Deveria, portanto, ser usado, exceto quando houver boas razões para se preferir outro método. A seleção massal é um termo frequentemente utilizado para a seleção individual (FALCONER e MACKAY, 1996). A avaliação visual realizada na maioria dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar,

na etapa de *seedlings*, é processada de forma indireta, ou seja, baseia-se em caracteres secundários para selecionar o caráter principal (respostas correlacionadas a produção), possuindo eficiência restrita, pois é praticado em plantas individuais, nas quais os caracteres apresentam baixa herdabilidade (SKINNER, 1987). Embora, nesta condição, fosse preferível a seleção direta para o caráter de importância, a seleção normalmente é feita não para ele, mas, sim para caracteres correlacionados, tendo facilitado a sua aplicação. Estes caracteres são a altura das plantas, o diâmetro, o número de perfilhos e o brix. Quando a seleção massal é feita numa estrutura de famílias, a seleção massal não é explorada na sua totalidade. Na estrutura de progênes o tamanho efetivo será menor e o rendimento da família interferirá na seleção massal quando esta for realizada de forma indireta (avaliação visual).

e) Seleção de famílias — Na seleção de famílias, progênes inteiras são selecionadas ou rejeitadas como unidade, de acordo com seu valor fenotípico médio. Valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam a média das famílias. Em outras palavras, aos desvios dentro da família são dados pesos zero (FALCONER e MACKAY, 1996). A circunstância principal sob a qual a seleção de famílias é preferida ocorre quando o caráter selecionado apresenta baixa herdabilidade. A eficiência da seleção de famílias baseia-se no fato de que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tendem a se anular. Dessa forma, o valor fenotípico médio da família aproxima-se do valor genotípico médio, e as vantagens obtidas serão maiores quando os desvios do ambiente constituírem uma grande parte da variância fenotípica, ou, em outras palavras, quando a herdabilidade for baixa (FALCONER e MACKAY, 1996).

O teste de progênie, método de seleção amplamente aplicado no melhoramento, pode ser considerado como uma forma de seleção de famílias, uma vez que o critério da seleção, como o próprio nome implica, é o valor médio da progênie de um indivíduo (FALCONER e

MACKAY, 1996). Os efeitos ambientais são usualmente grandes na primeira etapa de seleção. Nesta situação, tanto a seleção massal (individual), com alta taxa de seleção, quanto a seleção por famílias podem ser utilizadas. As estimativas de herdabilidade em sentido amplo são baixas para a maioria dos caracteres, baseadas em plantas individuais e aumentam consideravelmente com famílias.

f) Seleção entre e dentro de famílias — A eficiência da seleção de famílias pode ser aumentada acrescentando-se a seleção entre indivíduos dentro das melhores famílias. Neste caso, o critério da seleção dentro de famílias consiste no desvio de cada indivíduo em relação ao valor médio da família a qual pertence (FALCONER e MACKAY, 1996).

O esquema da seleção entre e dentro de famílias, na sua estrutura tradicional, consiste em tomar as melhores plantas dentro das melhores famílias. Na ocasião em que foi proposto, este esquema foi considerado um marco da genética aplicada por seu sucesso no melhoramento populacional de milho (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1987). Segundo MCRAE et al. (1993) e COX et al. (1996), em cana-de-açúcar, a combinação da seleção por famílias com a seleção massal é mais eficiente que a seleção por famílias apenas. COX e HOGARTH (1993) afirmaram ser o método mais eficiente de seleção, aquele realizado baseado em famílias, com repetições, na avaliação de cana-planta, com a cana-soca mantida para a seleção massal dentro das melhores famílias. A seleção baseada em famílias, mais generalizadamente, pode ser realizada de forma seqüencial ou combinada.

g) Caracterização agronômica — Cabe ao melhorista selecionar os indivíduos superiores, sendo que esta tarefa muitas vezes é dificultada quando se trabalha em diferentes ambientes, e não se tem a preocupação de caracterizá-los em relação ao seu potencial edafoclimático. Uma estratégia adotada é o desenvolvimento de pequenos programas regionais, reduzindo assim a diversidade ambiental e suas interações na população

introduzida. Essa estratégia não impede de se selecionar genótipos de adaptação ampla, com base na média dos diversos locais. Mas a opção por uma seleção específica para cada local considerado deverá proporcionar ganhos superiores como constatado por BRESSIANI (2001).

No Brasil, os programas de melhoramento de cana desenvolvidos pelo IAC, CTC, RIDESA e CanaVialis tem adotado uma estratégia de seleção regional, onde os indivíduos são adaptados de forma específica em cada uma das regiões onde existe o programa de melhoramento. Teoricamente, no final desse processo de seleção, tem-se uma cultivar *regional*, em um espaço de tempo mais exíguo (7 - 8 anos). Para tanto, o acúmulo de observações em anos sucessivos, abrangendo ciclos distintos das plantas (cana planta, soca e ressoça), interagindo com anos agrícolas subsequentes, e usada como principal ferramenta para o exercício do discernimento do melhorista (LANDELL et al. 2004). Uma cultivar de cana-de-açúcar deverá reunir um conjunto de características favoráveis. A produtividade superior de energia (açúcar, álcool e fibra), caráter associado ao acúmulo de biomassa e ao teor de sacarose, sem dúvida, é a maior virtude de uma nova cultivar.

h) Caracterização quanto a estabilidade fenotípica — Uma nova cultivar também necessita ser caracterizada em relação ao seu desempenho em diversos ambientes de produção. A estimativa do comportamento de genótipos diante de variações ambientais pode ser determinada pela quantificação da interação “Genótipo X Ambiente”. Sob o contexto genético, pode-se quantificar esta interação em função da instabilidade da expressão genotípica dos alelos homocigotos e heterocigotos (CRUZ e CARNEIRO, 2003). O estudo da estabilidade fenotípica permite sintetizar o enorme volume de informações obtido em uma rede experimental, caracterizando a capacidade produtiva, a adaptação as variações ambientais e a estabilidade de novas cultivares (RAIZER e VENCOSKY, 1999). Diversos

autores estudaram a interação entre genótipos e ambientes, e desenvolveram conceitos e índices de estabilidade, sugerindo métodos para estimar a estabilidade fenotípica em plantas.

Existem diversos métodos para avaliar a performance *genotípica*. Um dos mais tradicionais é a análise de grupos de experimentos. Neste método, o genótipo que apresentar menor variância será considerado o mais estável. No entanto, é bastante comum os genótipos de menor variância apresentarem baixa produtividade.

Os métodos baseados em regressão têm sido preferidos, pois permitem descrever as respostas individuais dos genótipos a um grupo de ambientes. Estes métodos estimam um índice para cada ambiente estudado a partir da performance média dos genótipos. No entanto, para que a regressão seja de fato uma reta, teoricamente tanto a produção como o Índice Ambiente devem ter distribuições normais. A seguir são citados alguns destes métodos:

- 1) Método de FINLAY e WILKINSON (1963) (citado por LANDELL e BRESSIANI, 2010):
- 2) Método de EBERHART e RUSSEL (1966) (citado por LANDELL e BRESSIANI, 2010):
- 3) Método de VERMA et al. (1978) (citado por LANDELL e BRESSIANI, 2010): e uma modificação nos métodos anteriores, dividindo os diversos ambientes de avaliação em dois subgrupos, que representariam os ambientes desfavoráveis e favoráveis, de acordo com o desvio em relação a média geral dos locais.

Dessa forma, as novas variedades de cana-de-açúcar têm sido recomendadas com especificidade quanto aos diferentes ambientes de produção, com associação ao tipo de manejo agrícola e a época de corte no decorrer da safra. Essa especificidade permite explorar ao máximo o potencial genético das novas cultivares.

### 1.5. Análise de trilha

A análise de trilha consiste no estudo dos efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre uma variável básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas. Apesar de a correlação ser uma característica intrínseca a dois caracteres, em dada condição experimental, sua decomposição é dependente do conjunto de caracteres estudados, que normalmente são avaliados pelo pesquisador através do prévio conhecimento de sua importância e de possíveis inter-relações expressas em “digramas de trilha”. A análise de trilha, apesar de envolver princípios de regressão, é, em essência, um estudo da decomposição do coeficiente de correlação, permitindo avaliar se a relação entre duas variáveis é de causa e efeito ou determinada pela influência de outra ou outras variáveis. A análise de trilha pode, portanto, ser feita a partir de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

Esse tipo de análise é útil na verificação de relações diretas e indiretas entre variáveis, podendo seu uso ser extrapolado para outras áreas de investigação, além do melhoramento genético, indicando o tipo e o grau de relação entre variáveis e fornecendo condições de melhor planejamento e condução do experimento, podendo também ser aplicada como método de identificação das variáveis menos explicativas do comportamento da variável dependente principal e, assim, eliminá-la do estudo, como descrito por LÚCIO (1999).

Para que a avaliação da associação entre caracteres tenha uma estimativa segura e gere uma interpretação biologicamente apropriada, é fundamental que seja avaliado o grau de colinearidade entre as variáveis independentes (CRUZ e CARNEIRO, 2006). A multicolinearidade ocorre quando existe inter-relação entre as variáveis estudadas (variáveis independentes). Quando ocorre uma sobreposição entre as variáveis no modelo de regressão, muitas vezes o termo é utilizado equivocadamente como sinônimo de uma correlação próxima

a +1 ou -1, entre as variáveis independentes (elevado grau de multicolinearidade). Seus efeitos danosos não são ocasionados simplesmente pela sua presença, mas pelo grau com que se manifesta. Entre os efeitos de uma elevada multicolinearidade podem ser citados as estimativas instáveis do coeficiente de regressão e uma superestimativa dos efeitos diretos das variáveis explicativas sobre a principal, que podem levar a resultados equivocados (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

O grau de multicolinearidade da matriz de correlações entre as variáveis independentes do modelo de regressão pode ser estabelecido com base no seu número de condições (NC), que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação genética. Assim, quando o número de condições é menor que 100, a multicolinearidade é fraca e não ocasiona problema para análise; quando situa-se entre 100 e 1000, a multicolinearidade é de moderada a forte; e quando é maior que 1000 a multicolinearidade é severa (MONTGOMERY e PECK, 1981).

Para contornar os efeitos adversos da multicolinearidade, pode-se realizar a eliminação de variáveis do modelo de regressão. Além desta, encontra-se também na literatura a possibilidade de empregar uma metodologia alternativa ao dos quadrados mínimos, proposta por CARVALHO (1995) e CARVALHO e CRUZ (1996) denominada análise de trilha em crista, para estimação dos parâmetros.

A literatura apresenta alguns estudos sobre as relações entre variáveis importantes para a cultura da cana-de-açúcar, via análise de trilha (MILLER, 1977; KANG et al., 1983; GRAVOIS et al., 1990; GRAVOIS e MILLIGAN, 1992; SUKHCHAIN et al., 1997; FERREIRA et al., 2007). Entretanto, estudos desta natureza ainda são necessários, visto que diferentes estruturas genéticas populacionais têm sido consideradas.



## 1.6. Divergência genética em cana-de-açúcar

O conhecimento de diferenças em constituições genéticas dentro de grupos ou entre grupos de genótipos tem sido de grande importância para qualquer programa de melhoramento. Importância que está relacionada com a necessidade de identificar genitores com diferenças genéticas que produzam progênies de maior heterose, aumentando, assim, a probabilidade na obtenção de indivíduos superiores (CRUZ e REGAZZI, 1997).

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade na população de trabalho. Melhoristas têm recomendado, para a formação de população-base, o inter cruzamento entre cultivares superiores e divergentes. Essa divergência pode ser avaliada a partir de características agrônômicas, morfológicas e moleculares entre outras. No caso de variáveis quantitativas essa variabilidade pode ser acessada utilizando-se medidas de dissimilaridade, destacando-se, entre elas: a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Essa última leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mensuradas, quando o experimento se encontra sob delineamento experimental (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

De acordo com GAUR et al. (1978), a análise multivariada pode ser empregada como uma poderosa ferramenta para estimar a dissimilaridade genética, com o intuito de auxiliar na escolha de constituições genéticas que poderão resultar, por meio de suas progênies, em recombinações superiores. Essa técnica, segundo MACHADO (1999), é a mais eficiente e utilizada na identificação de dissimilaridade genética.

Para CRUZ e CARNEIRO (2006), dois pais não distantes geneticamente entre si tendem a compartilhar muitos genes ou alelos em comum. Quando dois destes pais são cruzados, há pouca complementaridade e baixo vigor em razão do baixo nível de heterozigosidade alélica no cruzamento. No entanto, quando dois pais são mais distantes geneticamente, é admitido

que eles diferem de forma crescente no número de locos no qual os efeitos da dominância estão evidentes, contribuindo, conseqüentemente, para a maior manifestação da heterose.

GHADERI et al. (1984), afirmam que é preciso cautela na avaliação da divergência genética de indivíduos, pois dois genótipos podem ser completamente distantes geneticamente – o melhor e o pior segregante de um cruzamento – e ainda serem estreitamente relacionados, por serem membros de uma mesma população. Seria mais interessante selecionar, como pais, dois genótipos que apresentam bom desempenho, mas sejam não-relacionados, isto é, geneticamente distantes entre si, pois, devido aos seus não-relacionamentos, contribuiriam com um arranjo genético diferente e mais proveitoso. Embora teoricamente possível, não é provável que dois pais possam ser geneticamente próximos e ainda produzir heterose, por causa da distribuição contrastante para alelos nos locos, que afeta a característica. A circunstância mais provável é que, se são geneticamente próximos, eles terão arranjos genéticos similares para aquela característica.

Em um estudo de divergência genética entre clones de cana-de-açúcar, SILVA et al. (2005) constataram uma base genética restrita e observaram que a divergência genética obtida pelo método de Tocher e pelas Variáveis Canônicas, além de revelarem a concordância entre os resultados, indicaram a inclusão de um grande número de clones dentro de um mesmo grupo, indicando assim a elevada homogeneidade entre os genótipos avaliados. Entre os caracteres avaliados que teriam mais contribuído para divergência genética, citam-se o número de colmos por parcela, brix na cana e a produção de açúcar por parcela. Quanto à restrita base genética os autores mencionam que o uso desses materiais pode causar baixos ganhos, caso sejam utilizados num programa de melhoramento. Para solucionar tal problema, os mesmos sugerem o uso de indivíduos divergentes geneticamente para contribuir positivamente para o melhoramento genético da cultura.

## 1.7. Análise de Agrupamento

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista, por quantificarem e informarem sobre o grau de semelhança ou de diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos. Entretanto, o número de estimativas obtidas é muito grande o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual destas estimativas. Assim, para realizar esta tarefa faz-se uso de métodos de agrupamento ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, tomando por base as coordenadas obtidas a partir da medida de dissimilaridade escolhida (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

Segundo CRUZ e REGAZZI (1997), a análise de agrupamento tem por finalidade reunir e classificar os genótipos em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre grupos formados. Os métodos de agrupamento mais utilizados em programas de melhoramento genéticos de plantas têm sido os hierárquicos e os de otimização. Nos métodos hierárquicos, os genitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendrograma, e nos de otimização, é realizada a partição do conjunto de genitores em subgrupos mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de uma medida preestabelecida.

Nos métodos de otimização os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento, ou seja, o objetivo é alcançar uma partição dos indivíduos que otimize (maximize ou minimize) alguma medida de dissimilaridade. Um dos métodos mais comumente utilizados na área de melhoramento genético é o proposto por Tocher, citado por RAO (1952). Este método de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares. Esse indivíduos formarão o grupo inicial. A partir deste ponto é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos,

adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

Já nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendograma ou o diagrama de árvore. Neste caso, não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está na “árvore” e nas ramificações que são obtidas. As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual do dendograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo (CRUZ e CARNEIRO, 2006). Logo, o dendograma é especialmente útil para a visualização de semelhanças entre amostras, sejam estes genitores utilizados em hibridações, representados por pontos em espaço com dimensão maior do que três, onde a representação de gráficos convencionais não é possível (MOITA NETO e MOITA, 1998).

## 2. REFERÊNCIAS

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

BARBOSA, M. H. P.; SILVEIRA, L. C. I. Melhoramento genético e recomendação de cultivares. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (eds.) **Cana-de-açúcar: Bioenergia, açúcar e álcool** – Tecnologias e perspectivas. Viçosa, p. 577, 2010.

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.5, p.443-450, 2005.

BRASIL; INSTITUTO CENTRO DE ENSINO TECNOLÓGICO. **Produtor de cana-de-açúcar**. Fortaleza: Ed. Demócrito Rocha, 2004., 64 p.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 134p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, São Paulo.

BRESSIANI, J. A.; LANDELL, M. **Contribuição da genética quantitativa para o melhoramento genético da cana-de-açúcar**. In: XIV SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS: A GENÉTICA QUANTITATIVA E DE POPULAÇÕES NO BRASIL, 2010, Lavras, Minas Gerais. Anais... Lavras: UFLA, 2010. 165 p.

BASSINELO, A. I.; ABRAHÃO, I.S.; VALADÃO, M. B.; BARCELLOS, J.E.T.; PICCOLO, C. R. **Primeiros resultados de estudos de novas variedades de cana-de-açúcar em solos de cerrado**. In: CONGRESSO NACIONAL DA STAB, 3.; CONVENÇÃO DA ACTALAC, 5., 1984, São Paulo, SP. Anais... São Paulo, 1984. p. 206-214.

CAMARGO, P.N. **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Agricultura e Horticultura, 1970. 38p.

CARVALHO, S.P. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção, sob multicolinearidade.** 1995. 163p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CARVALHO, S.P.; CRUZ, C.D. Diagnosis of multicollinearity: assessment of the condition of correlation matrices used in genetic studies. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 19, n.3, p. 479-484, 1996.

CASAGRANDE, A.A. **Tópicos de morfologia e fisiologia da cana-de-açúcar.** Jaboticabal: FUNEP, 1991. 157p.

CASTRO, P.R.C.; CHRISTOFFOLETI, P.J. Fisiologia da cana-de-açúcar. In: MENDONÇA, A.F. **Cigarrinhas da cana-de-açúcar: Controle biológico.** 1.ed. Maceió: Insecta, 2005. p.3-48.

CONSECANA (Conselho dos Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo). **Manual de instruções.** 2 ed. Piracicaba, 2000. 92p.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M. **The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program.** In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10., Bundaberg, 1993. Proceedings. Brisbane: Watson Ferguson, 1993. p. 53-54.

COX, M.C.; MCRAE, T.A.; BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program. In: WILSON, J.R.; HOGARTH, D.M.; CAMPBELL, J.A.; GARSIDE, A.L. (Ed.) **Sugarcane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane: CSIRO Division of Tropical Crops and Pasture, 1996. p. 42-43.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Eds.) **Manual of cane growing, Bureau of sugar experiment stations**. 436p. 2000.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Interação Genótipos x Ambientes. In: CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 2003. p. 435 - 529.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2. ed. rev. – Viçosa: Ed. UFV, 2006. 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFG, Imprensa Universitária. 1997. 390p.

DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A.; **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agronômico. 2010. 882p.

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

FERNANDES, A. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. 2. ed. Piracicaba, SP: Ed. EME, 2003. 240p.

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

FERREIRA, F.M.; BARROS, W.S.; SILVA, F.L.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BASTOS, I.T. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.4, p.527-533, 2007.

GAUR, P.C.; Gupta, P.K.; Kishore, H.. Studies on genetic divergence of potato. **Euphytica** 27: 361-368, 1978.

GHADERI, A.; ADAMS, M. W.; NASSIB, A. M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, v. 24, p. 37-42, 1984.

GRAVOIS, K.A; MILLIGAN, S.B. Genetic relationships between fiber and sugarcane yield components. **Crop Science**, Madison, v.32, n.1, p.62-67, 1992.



GRAVOIS, K.A.; MILLIGAN, S.B.; MARTIN, F.A. Role of pith, tube, and stalk density in determining sugarcane sucrose content and stalk weight. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.79, n.2, p.273-277, 1990.

HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. The effect of competition and violation of assumptions on estimation of genetic variance components. **Australian Journal Research**, Victoria, v.28, n.2, p.257-268, 1977.

KANG, M.S.; MILLER, J.D.; TAI, P.Y.P. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science**, Madison, v.23, n.4, p.643-647, 1983.

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

KING, N. J.; MUNGOMERY, R. W.; HUGUES, C. G. **Manual of cane growing**. New York: Elsevier, 1965. 375 p

LANDELL, M. G. de A.; PINTO, L. R.; CRESTE, S.; XAVIER, M. A.; DOS ANJOS, I. A.; VASCONCELOS, A. C. de; BIDOIA, M. A. P.; DA SILVA, D. N.; SILVA, M. DE A. **Seleção de novas variedades de cana-de-açúcar e seu manejo de produção**. Informações Agronômicas (Encarte Técnico), Piracicaba, 110, 18-24, 2004.

LANDELL, M.G.A. de A.; BRESSIANI, J.A. Melhoramento Genético da cana-de-açúcar. In:

DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M. de; LANDELL, M.G. de A. **Cana-de-açúcar**. Campinas, 2008. 882p.

LÚCIO, A. D. **Erro experimental relacionado às características dos ensaios nacionais de competição de cultivares**. 1999. 73p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Campus de Jaboticabal, Jaboticabal.

MACHADO, C. F. **Procedimentos para a escolha de genitores de feijão**. 1999. 118 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV. p.225-274. 2005.

McRAE, T.A.; HOGATH, D.M.; FOREMAN, J.W.; BRAITHWAITE, M.J. **Selection of sugarcane seedling families in Burdekin district**. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10., Gold Coast, 1993. Proceedings. Gold Coast: The Organizing Committee, 1993. v.1, p. 77-82.

MILLER, J.D. Combining ability and yield component analyses in a five-parent diallel cross in sugarcane. **Crop Science**, Madison, v.17, n.4, p.545-547, 1977.

MOITA NETO, J. M.; MOITA, G. C. Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova**, São Paulo, v.21, n.4, p.467-469, 1998.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley e Sons, 1981. 504p.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v1, p. 202-272.

PEDROZO, C.A. **Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar**. 2006. 120p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

RAIZER, A.J.; VENCOVSKY, R., Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o Estado de São Paulo. **Pesq. agropec. bras.**34 (12). Brasília, 1999

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 1952. 390p.

REDE INTERUNIVERSITÁRIA DE DESENVOLVIMENTO DO SETOR SUCROALCOOLEIRO – RIDESA. **Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar**. RIDESA, Curitiba, 136 p. 2010.

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo no melhoramento de plantas**. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADO À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 11., 2005, Londrina. CDROM.

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

SILVA, C. M.; GONCALVES-VIDIGAL, M. C.; FILHO, P. S. V.; SCAPIM, C. A.; DAROS, E.; SILVERIO, L. Genetic diversity among sugarcane clones (*Saccharum* spp.). **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringa, v.27, n.2, p. 315-319, 2005.

SOUZA Jr., C.L. **Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa**. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Genética, 1995. 41 p. (Publicação Didática).

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

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

STUPIELLO, J.P. A cana-de-açúcar como matéria-prima. In: PARANHOS, S. B. **Cana-de-açúcar: cultivo e utilização**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 2, cap. 7, p. 761-804.

STUPIELLO, J. P. Conversando com a cana. **STAB**. Açúcar, Álcool e Subprodutos. Piracicaba, v.20, n.6, p.38, 2002.

SUKHCHAIN; SANDHU, D.; SAINI, G.S. Inter-relationships among cane yield and commercial cane sugar and their component traits in autumn plant crop of sugarcane.

**Euphytica**, Dordrecht, v.95, n.1, p.109-114, 1997.

## **CAPÍTULO II**

---

### **SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RB VISANDO ALTA PRODUTIVIDADE E PRECOCIDADE NA MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR**

Artigo enviado para publicação na revista de Ciências  
Agronômicas “Bragantia”.

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RB VISANDO ALTA PRODUTIVIDADE E PRECOCIDADE NA  
MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR <sup>(1)</sup>**

AMANDA EMANUELLA ROCHA DE SOUZA <sup>(2\*)</sup>, FRANCISCO JOSÉ DE OLIVEIRA <sup>(2)</sup>,  
CLODOALDO JOSÉ DE ANUNCIÇÃO FILHO <sup>(2)</sup>, PÉRICLES DE ALBUQUERQUE MELO  
FILHO <sup>(2)</sup>, LUIZ JOSÉ OLIVEIRA TAVARES DE MELO <sup>(3)</sup> E JOSÉ NILDO TABOSA <sup>(4)</sup>

<sup>1</sup> Extraído da dissertação de mestrado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

Recebido para publicação em \_\_\_\_\_ e aceito em \_\_\_\_\_

<sup>2</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Rua Dom Manoel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, 52171-900 Recife (PE). E-mail: amandarocha228@gmail.com <sup>(\*)</sup> Autor correspondente. Bolsista CNPq; franseol@uol.com.br

<sup>3</sup> Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina da UFRPE, Rua Juscelino Kubitscheck de Oliveira, s/n, Bairro Novo, Carpina (PE). E-mail: luizjose@hotmail.com

<sup>4</sup> Instituto Agrônomo de Pernambuco, Av. General San Martin, 1371, Bongi, Recife (PE). E-mail: tabosa@ipa.br

Número total de páginas: 28

Número total de tabelas: 08

Número total de figuras: 02

## SELEÇÃO DE FAMÍLIAS RB VISANDO ALTA PRODUTIVIDADE E PRECOCIDADE NA MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR <sup>(1)</sup>

AMANDA EMANUELLA ROCHA DE SOUZA <sup>(2\*)</sup>, FRANCISCO JOSÉ DE OLIVEIRA <sup>(2)</sup>, CLODOALDO JOSÉ DE ANUNCIÇÃO FILHO <sup>(2)</sup>, PÉRICLES DE ALBUQUERQUE MELO FILHO <sup>(2)</sup>, LUIZ JOSÉ OLIVEIRA TAVARES DE MELO <sup>(3)</sup> E JOSÉ NILDO TABOSA <sup>(4)</sup>

### RESUMO

Objetivou-se com este trabalho avaliar famílias de irmão germanos com potencial de produção de cana e precocidade na maturação, visando a seleção de indivíduos para uso no melhoramento e comercial. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro blocos e dez famílias de cana-de-açúcar. O experimento foi conduzido na área agrícola da Usina São José - Igarassu/PE, durante o ano agrícola de 2009/2010. Foram avaliados os caracteres número médio de colmos (NMC), diâmetro médio de colmos (DMC), altura média de colmos (AMC), peso médio de colmos (PMC), toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de brix por hectare (TBH), pol na cana (PC), brix na cana (BC), fibra % cana (FIB), açúcar total recuperável (ATR) e pureza na cana (PUR). A análise de variância foi realizada para todos os caracteres e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974), a 5% de probabilidade ( $p < 0,05$ ). A análise multivariada foi utilizada para quantificar a divergência genética. A distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada como medida de dissimilaridade. Foram aplicados o método hierárquico de ligações médias (UPGMA) e o método de otimização de Tocher. Estimaram-se as análises de trilha fenotípicas. As famílias FA-2, FA-3, FA-5, FA-8 e FA-9, podem ser selecionadas para produção de cana e açúcar. Os resultados com base no brix indicaram as famílias FA-4, FA-5, FA-6 e FA-10 com tendência para maturação precoce. O uso dos pares de famílias mais divergentes podem ser recomendadas para uso no melhoramento com possibilidades de proporcionar novas combinações com êxito na seleção. Indiretamente, a seleção de famílias para produção de cana e açúcar pode ser feita através do número médio de colmos.

**Palavras-chave:** *Saccharum* spp., desempenho agroindustrial, divergência genética, análise de trilha.

<sup>(1)</sup> Extraído da dissertação de mestrado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal Rural de Pernambuco.

<sup>(2)</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco, Rua Dom Manoel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, 52171-900 Recife (PE). E-mail: amandarocha228@gmail.com <sup>(\*)</sup> Autor correspondente. Bolsista CNPq; franseol@uol.com.br; pericles@depa.ufrpe.br; cjoesufrpe@hotmail.com



<sup>(3)</sup> Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina da UFRPE, Rua Juscelino Kubitscheck de Oliveira, s/n, Bairro Novo, Carpina (PE). E-mail: luizjose@hotmail.com

<sup>(4)</sup> Instituto Agronômico de Pernambuco, Av. General San Martin, 1371, Bongi, Recife (PE). E-mail: tabosa@ipa.br

## **SELECTION OF RB FAMILIES AIMING HIGH PRODUCTIVITY AND EARLY MATURATION IN SUGAR CANE**

### **ABSTRACT**

The aim of this study was to evaluate sib families with potential sugarcane production and earliness in maturity, in order to select individuals for use in breeding and commercial. The experimental design was randomized blocks with four blocks and ten families of sugar cane. The experiment was carried out in the agricultural area in sugar mill São José - Igarassu/PE, during the agricultural year 2009/2010. Were evaluated the characters mean number of culms (NMC), mean diameter culms (DMC), mean height of culms (AMC), mean weight of culms (PMC), tons of cane per hectare (TCH), tons per hectare of pol (TPH), brix tons per hectare (TBH), pol in cane (PC), brix in sugar cane (BC), % cane fiber (FIB), total recoverable sugar (ATR) and pure cane (PUR). The analysis of variance was performed for all the characters and the means were grouped by Scott and Knott test (1974), 5% of probability ( $p < 0.05$ ). The multivariate analysis was used to quantify the genetic divergence. The Mahalanobis distance was used as dissimilarity measure. Were applied the hierarchical method of the average linkages (UPGMA) and the optimization method of Tocher. Were estimated the phenotypic path analysis. Families FA-2, FA-3, FA-5, FA-8 and FA-9, can be selected for production of sugarcane and sugar. The results based on brix families indicated FA-4 FA-5 FA-6 FA-10 and with a tendency to early maturity. The use of pairs of different families can be recommended for use in improving opportunities to provide new combinations with success in the selection. Indirectly, the selection of families for the production of cane and sugar can be done by the average number of culms.

**Keywords:** *Saccharum* spp., agroindustrial performance, genetic divergence, path analysis.

## 1. INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, objetiva-se principalmente obter indivíduos superiores com excelente potencial de produção de colmos e açúcar para substituição das variedades comerciais em virtude destas apresentarem, com o passar do tempo, um declínio nos rendimentos agrícola e industrial devido a um processo conhecido como degenerescência varietal (MAMEDE et al., 2002). Para superar esta limitação, indivíduos promissores são cruzados anualmente, e em seguida, avaliam-se as progênes e identificam-se aquelas que apresentam as médias fenotípicas superiores. Nesse contexto, o conhecimento do desempenho agroindustrial, das relações e seus efeitos diretos e indiretos e da diversidade genética entre os genitores em programas de melhoramento de plantas são de vital importância para os melhoristas na identificação e organização dos recursos genéticos disponíveis, visando à utilização desses na produção de novas variedades promissoras (PALOMINO et al., 2005).

A quantificação da diversidade genética pode ser realizada por meio de caracteres agronômicos, morfológicos e moleculares entre outros. Diversas medidas de dissimilaridade têm sido propostas para a quantificação das distâncias entre genótipos, sendo, contudo, a distância de Mahalanobis a mais amplamente utilizada quando se dispõe de experimentos com repetições. Esta se diferencia das demais técnicas por levar em consideração as variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres avaliados (CRUZ e REGAZZI, 2001).

O número de estimativas de dissimilaridade obtidas é muito grande o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual destas estimativas. Assim, para realizar esta tarefa faz-se uso de métodos de agrupamento ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, tomando por base as coordenadas obtidas a partir da medida de dissimilaridade

escolhida (CRUZ e CARNEIRO, 2006). A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os genitores, em vários grupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Alternativamente, as técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo, ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ e REGAZZI, 2001). Os métodos de agrupamento envolvem, segundo (CRUZ e CARNEIRO, 2006), basicamente duas etapas. A primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de dissimilaridade entre os genitores, e a segunda, com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos.

A análise de trilha (ou “path analysis”) é uma metodologia que o melhorista dispõe para entender as causas envolvidas nas associações entre caracteres e decompor as correlações existentes em efeitos diretos e indiretos (CRUZ e REGAZZI, 2001). Esse tipo de análise é útil na verificação de relações diretas e indiretas entre variáveis, podendo seu uso ser extrapolado para outras áreas de investigação, além do melhoramento genético, indicando o tipo e o grau de relação entre variáveis e fornecendo condições de melhor planejamento e condução do experimento, podendo também ser aplicada como método de identificação das variáveis menos explicativas do comportamento da variável dependente principal e, assim, eliminá-la do estudo, como descrito por LÚCIO (1999).

Diversos trabalhos reportam a utilização de desempenho agroindustrial, divergência genética, análise de trilha entre outros, em cana-de-açúcar, no intuito de selecionar famílias ou genótipos. Vários trabalhos tiveram resultados bem expressivos: DUTRA FILHO (2010) selecionou progênies de cana-de-açúcar com base no desempenho agroindustrial, índices de seleção e dissimilaridade genética. SILVA (2008) estudando sete variedades padrões e onze clones RB de cana-de-açúcar, por meio de técnicas uni e multivariadas, com base em dez caracteres agroindustriais concluiu que a metodologia permitiu identificar genótipos de maior divergência genética para a utilização em

programas de melhoramento genético e que os caracteres que mais contribuíram na quantificação da divergência foram pol % cana, toneladas de cana por hectare, brix % cana e altura de colmos.

O trabalho teve como objetivo avaliar famílias de irmão germanos com potencial de produção de cana e precocidade na maturação, visando a seleção de indivíduos para uso no melhoramento e comercial.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na safra agrícola de 2009/2010, em cana-soca, na área agrícola da Usina São José (município de Igarassu), no Litoral Norte da Mata de Pernambuco ( $7^{\circ} 50' 00''$ S,  $34^{\circ} 54' 30''$  W e 19,0 m de altitude), em Latossolo Vermelho Amarelo Distrófico textura argilosa, segundo a caracterização de KOFFLER et al., 1986.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com quatro blocos e dez famílias de cana-de-açúcar oriundas dos cruzamentos: FA-1 (RB92579 x RB855350); FA-2 (RB867515 x RB953114); FA-3 (RB83102 x RB855035); FA-4 (RB92606 x RB92579); FA-5 (RB83102 x RB855595); FA-6 (RB855035 x RB855595); FA-7 (RB855025 x RB863129); FA-8 (RB867515 x RB95546); FA-9 (RB946903 x RB863129); FA-10 (CP88-1540 x RB92579). Cada parcela experimental foi representada por dois sulcos de 5,0 m de comprimento, espaçados de 1,20 m entre sulcos e 1,00 m entre clones dentro do sulco. A colheita da cana-soca foi realizada em outubro de 2010 aos dez meses de idade das plantas.

Para efeito de tratamento foram tomadas em cada parcela, aleatoriamente, dez colmos nas duas fileiras, para avaliar: (1) diâmetro médio do colmo (DMC) mensurado com o auxílio de um paquímetro, realizadas no terceiro internódio da base e em sua porção mediana, cujo valor da escala corresponde a um valor em milímetro (mm), e convertido para cm; (2) altura média de colmo (AMC) determinada com o auxílio de uma trena, medida em centímetro, da base do colmo até o

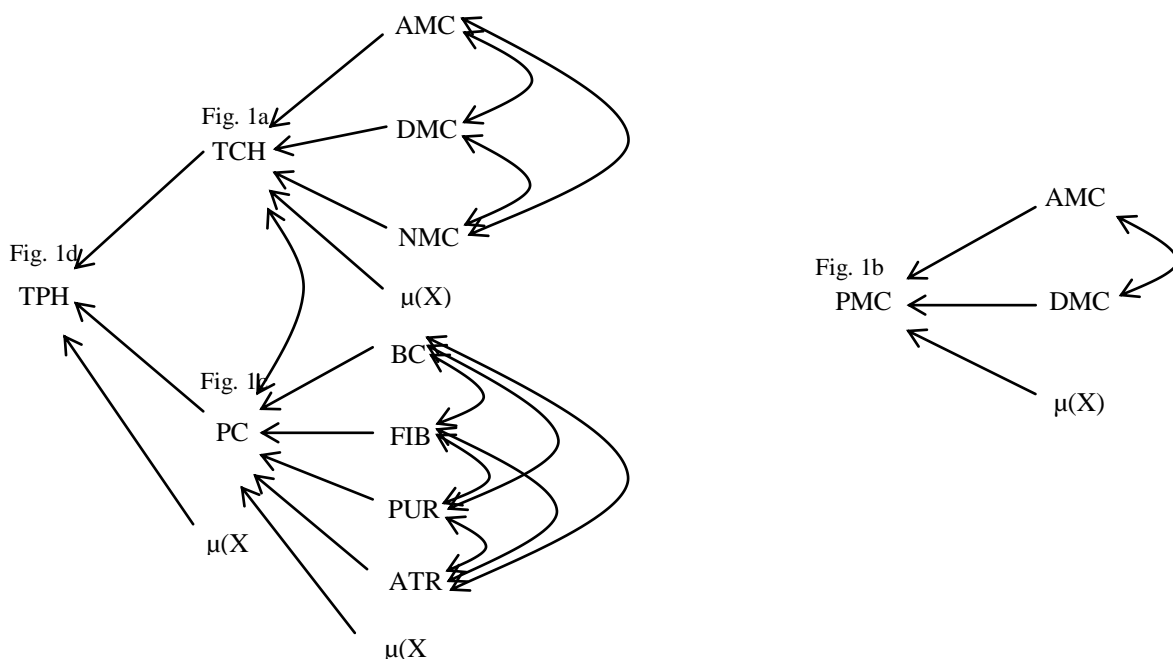
primeiro “dewlap” visível (inserção da folha + 1), de acordo com classificação descrita por Kuijper (DILLEWIJN, 1952); (3) número médio de colmos (NMC) expresso em unidade, obtido pela contagem do número total de colmos em uma parcela experimental, sendo posteriormente calculado o número de colmos por metro linear; (4) peso médio de colmo (PMC) obtido pela pesagem, em quilograma, de todos os colmos da parcela experimental, pelo número de colmos presentes em suas respectivas parcelas experimentais; (5) toneladas de colmos por hectare (TCH) calculada por meio da transformação da massa da parcela em tonelada por hectare; (6) toneladas de pol por hectare (TPH), multiplicando-se o TCH pelo pol na cana (PC); (7) toneladas de brix por hectare (TBH) – calculado através do produto do TCH pelo brix na cana (BC). Por ocasião da colheita foram amostradas dez canas para determinação da fibra % cana (FIB), brix na cana (BC), pol na cana (PC), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR), segundo FERNANDES (2003). Durante a condução do experimento foram realizados os tratos culturais exigidos para cultura.

A análise de variância foi realizada para todos os caracteres e as médias foram agrupadas pelo teste de SCOTT e KNOTT (1974), a 5% de probabilidade ( $p < 0,05$ ). A análise multivariada foi utilizada para quantificar a divergência genética. Empregou-se como técnica de agrupamento de otimização o método de Tocher (RAO, 1952) e para construir o dendrograma utilizou-se o método hierárquico do tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages), desenvolvido por SOKAL e MICHENER (1958), com base na Distância Generalizada de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1936), cujos resultados foram utilizados para comparação dos padrões de agrupamentos produzidos pelos dois tipos de métodos. Utilizou-se também, o critério de SINGH (1981) para quantificar a contribuição relativa desses caracteres para a divergência genética.

Desdobramentos das correlações em efeitos diretos e indiretos foram realizados por meio da análise de trilha desenvolvida por WRIGHT (1921). A análise de trilha foi representada pelo diagrama de causas-efeitos, mostrado na figura 1, e demonstra as inter-relações dos efeitos diretos e

indiretos das variáveis explicativas sobre a variável básica. Nesses diagramas, a seta unidirecional indica efeito direto (coeficiente de trilha) de cada variável explicativa, enquanto a seta bidirecional representa a interdependência de duas variáveis explicativas, cuja magnitude é quantificada pela correlação fenotípica.

Foi realizada a diagnose da multicolinearidade antes da execução da análise de trilha, e o grau de multicolinearidade da matriz singular  $X'X$  foi estabelecido com base no número de condição (NC), que é a relação entre o maior e o menor autovalor da matriz. Se  $NC < 100$ , a multicolinearidade é denominada fraca e não constitui problema para a análise; se  $100 \leq NC < 1000$ , a multicolinearidade é considerada de moderada à forte; e se  $NC \geq 1000$ , é considerada severa (CRUZ e CARNEIRO, 2006). O diagnóstico de multicolinearidade das análises deste trabalho resultou em fraca colinearidade. A diagnose da multicolinearidade e todas as outras análises foram executadas pelo programa Genes (CRUZ, 2007).



**Figura 1.** Diagrama causal ilustrativo dos efeitos diretos e indiretos dos componentes de produção (Fig. 1a) altura média do colmo (AMC), diâmetro médio do colmo (DMC) e número médio de colmos (NMC) sobre toneladas de colmos por hectare (TCH); (Fig. 1b) AMC e DMC sobre peso médio de colmos (PMC); (Fig. 1c) componentes

tecnológicos brix na cana (BC), fibra % cana (FIB), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR) sobre o pol na cana (PC); (Fig. 1d) TCH e PC sobre a tonelada de pol por hectare (TPH). A seta unidirecional indica efeito direto de cada variável explicativa sobre a principal; a seta bidirecional representa a interdependência de duas variáveis explicativas, cuja magnitude é quantificada pela correlação fenotípica entre elas; e  $\mu$  para cada figura corresponde ao efeito residual.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados na Tabela 1 mostram a existência de diferenças significativas entre as famílias de cana-de-açúcar, a 5% de probabilidade pelo teste F, para as variáveis altura média de colmos (AMC), toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de açúcar provável por hectare (TPH) e toneladas de brix por hectare (TBH), indicando a existência de variabilidade, com possibilidade de melhoramento dessas características. Para as características brix na cana (BC), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR) houve diferença significativa a 1% de probabilidade. As variáveis número médio de colmos (NMC), diâmetro médio de colmos (DMC), peso médio de colmos (PMC), pol na cana (PC) e fibra % cana (FIB) não apresentaram diferença estatística entre as famílias.

O coeficiente de variação experimental ( $CV_E$ ) de 1,41% a 24,87% oscilou de baixo a médio, evidenciando boa precisão experimental e, conseqüentemente, mostrou-se eficiente nas determinações das características DMC, AMC, PC, FIB, PUR e ATR, sendo satisfatórios para os caracteres PMC, TCH, TPH e TBH, conforme verificadas na Tabela 1, e podendo ser aceitável para NMC.

Embora o número médio de colmos (NMC) não tenha apresentado diferença significativa entre as famílias, estas apresentaram valores médios de 8,00 colmos por metro linear. De acordo com BARBOSA e SILVEIRA (2000), na fase de seleção T1, deve-se selecionar plantas com mais de seis colmos. Assim sendo, todas as famílias mostraram-se promissoras para seleção com base neste

caráter. PEDROZO et al., (2008) concordando com essas afirmações, alega ainda que, em média, genótipos com menos de cinco colmos apresentaram tendência de serem menos produtivos, não devendo ser selecionados nem mesmo quando as demais características avaliadas forem favoráveis.

Para a variável altura média de colmos (AMC) as famílias FA-1, FA-3, FA-4, FA-7, FA-9 e FA-10 diferiram das famílias FA-2, FA-5, FA-6 e FA-8, não se verificando diferenças entre si. A média encontrada foi de 2,55 m, variando de 2,35 m (FA-2) a 2,74 m (FA-3), valores superiores aos obtidos por SILVA (2006), onde avaliando doze genótipos de cana-de-açúcar, obteve aos dez meses de idade, uma média de 1,36 m de altura de colmos, variando entre 1,04 e 1,64 m. SILVA (2008), avaliando dezoito genótipos de cana-de-açúcar, obteve uma média de 2,38 m, variando entre 1,99 e 3,31 m.

Em relação às variáveis TCH e TPH, observa-se a existência de dois grupos, as famílias FA-2, FA-3, FA-5, FA-8 e FA-9 diferiram significativamente das famílias FA-1, FA-4, FA-6, FA-7 e FA-10. Quanto a TCH, a média encontrada foi de 52,94 t ha<sup>-1</sup>, cujas famílias FA-2, FA-3, FA-5, FA-8 e FA-9 obtiveram rendimentos de 55,47; 63,98; 59,89; 58,85 e 67,10 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente, superiores as demais famílias. Na variável TPH, a média de tonelada de açúcar por hectare situou-se em 7,17, e as famílias que apresentaram as maiores produtividades de açúcar por hectare foram as FA-2, FA-3, FA-5, FA-8 e FA-9 com 7,45; 8,44; 7,88; 8,01 e 8,92 t.ha<sup>-1</sup> pol, respectivamente. Este parâmetro foi conferido pela maior produtividade de colmos (t.ha<sup>-1</sup>) dessas famílias. MELO et al., (2006) avaliando dezesseis genótipos de cana-de-açúcar, encontrou resultados semelhantes para média geral do caráter TCH (65,72 t.ha<sup>-1</sup>) e TPH (8,12 t.ha<sup>-1</sup>).

Para a variável TBH, observou-se que as famílias FA-2, FA-3, FA-5, FA-8, FA-9 e FA-10 diferiram das famílias FA-1, FA-4, FA-6 e FA-7, não diferindo entre si. A média encontrada, aos dez meses de idade, foi de 10,70 toneladas de brix por hectare, variando entre 7,78 e 13,00 t.ha<sup>-1</sup>



brix, para as famílias FA-7 e FA-9, respectivamente. BASTOS (2003), aos doze meses de idade, obteve uma média de 21,23 t.ha<sup>-1</sup> brix para a variável TBH.

Dentre todas as variáveis, PUR e ATR, foram as que formaram quatro grupos. As famílias FA-1, FA-4 e FA-9 apresentaram valores estatisticamente superiores para pureza na cana (PUR) em relação às demais famílias. A média de PUR foi igual a 82,02%, o maior valor encontrado foi na FA-1 (85,22%) e o menor valor foi na FA-7 (77,49%). MELO et al., (2006) avaliando dezesseis genótipos de cana-de-açúcar encontrou resultados semelhantes para média geral do caráter pureza (86%). Quanto à variável ATR, a média obtida foi de 138,46 kg.t<sup>-1</sup> de ATR, variando entre 130,90 kg.t<sup>-1</sup> e 148,66 kg.t<sup>-1</sup>, famílias FA-5 e FA-10, respectivamente. Valores concordantes foram obtidos por GUIMARÃES (2010), que avaliando oito genótipos obteve uma média de 146,30 kg.t<sup>-1</sup> de ATR.

Pode-se verificar na Tabela 1 três grupos distintos para brix na cana (BC). As famílias FA-4, FA-5, FA-6 e FA-10 diferiram dos demais grupos. Este resultado mostra que essas famílias tendem a serem mais precoces na maturação da cana, visto que estas atingiram um percentual do valor de brix desejável mais cedo comparado a outras famílias. A média de BC, aos dez meses de idade em cana-soca, ficou em torno de 20,27%, variando entre 19,38% (FA-9) e 21,27% (FA-10). MELO et al., (2006) estudando doze genótipos e quatro variedades padrões, encontraram média de brix na cana ao redor de 17,18%, sendo inferior a encontrada neste trabalho.

**Tabela 1.** Agrupamento de médias das variáveis número médio de colmos (NMC), diâmetro médio dos colmos (DMC), altura média dos colmos (AMC), peso médio dos colmos (PMC), toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de brix por hectare (TBH), pol na cana (PC), brix na cana (BC), fibra % cana (FIB), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR). PE, 2011.

Famílias	Variáveis											
	NMC	DMC (cm)	AMC (m)	PMC (Kg)	TCH (t.ha <sup>-1</sup> )	TPH (t.ha <sup>-1</sup> pol)	TBH (t.ha <sup>-1</sup> brix)	PC (%)	BC (%)	FIB (%)	PUR (%)	ATR kg.t <sup>-1</sup>
FA-1	7,00 a	2,41 a	2,64 a	0,92 a	44,70 b	6,40 b	9,05 b	14,31 a	20,23 b	12,39 a	85,22 a	143,08 b
FA-2	8,05 a	2,33 a	2,35 b	1,01 a	55,47 a	7,45 a	10,82 a	13,44 a	19,52 c	13,33 a	82,87 b	137,01 c
FA-3	8,62 a	2,35 a	2,74 a	1,07 a	63,98 a	8,44 a	12,45 a	13,19 a	19,46 c	13,89 a	80,19 c	132,18 d
FA-4	6,82 a	2,37 a	2,60 a	0,92 a	43,14 b	6,18 b	9,08 b	14,49 a	21,03 a	13,49 a	84,42 a	147,60 a
FA-5	9,87 a	2,18 a	2,40 b	0,88 a	59,89 a	7,88 a	12,69 a	13,23 a	21,16 a	13,28 a	82,13 b	130,90 d
FA-6	7,55 a	2,17 a	2,42 b	0,92 a	47,57 b	6,26 b	9,86 b	13,20 a	20,75 a	13,72 a	80,06 c	137,15 c
FA-7	5,90 a	2,36 a	2,64 a	0,95 a	38,37 b	5,11 b	7,78 b	13,27 a	20,28 b	12,98 a	77,49 d	138,41 c
FA-8	9,07 a	2,39 a	2,39 b	0,95 a	58,85 a	8,01 a	11,54 a	13,62 a	19,62 c	13,04 a	81,41 c	137,63 c
FA-9	9,12 a	2,43 a	2,71 a	1,07 a	67,10 a	8,92 a	13,00 a	13,26 a	19,38 c	12,82 a	83,76 a	131,96 d
FA-10	7,97 a	2,40 a	2,61 a	0,92 a	50,35 b	7,07 b	10,68 a	14,21 a	21,27 a	12,62 a	82,63 b	148,66 a
Média	8,00	2,34	2,55	0,96	52,94	7,17	10,70	13,63	20,27	13,16	82,02	138,46
QM	5,92 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	0,085*	0,018 <sup>ns</sup>	366,13*	5,61*	12,27*	1,05 <sup>ns</sup>	2,24**	0,91 <sup>ns</sup>	21,45**	156,53**
CV <sub>E</sub> (%)	24,87	7,65	7,44	13,67	20,51	20,12	20,68	6,20	1,63	6,89	1,41	2,10

Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, pertencem ao mesmo grupo pelo teste de agrupamento de Scott e Knott (1974) a 5% de probabilidade; \*\*\*Significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F; <sup>ns</sup> Não significativo.

Os valores das dissimilaridades geradas pela Distância Generalizada de Mahalonobis entre as famílias estudadas encontram-se inseridos na Tabela 2. Entre os dez pares mais dissimilares, a análise das Distâncias ( $D^2$ ) identificou as combinações FA-3 e FA-4 (146,75), FA-3 e FA-5 (130,02), FA-3 e FA-10 (126,58), FA-4 e FA-9 (120,73), FA-5 e FA-7 (117,06), FA-3 e FA-1 (116,54), FA-9 e FA-10 (115,28), FA-4 e FA-7 (107,35), FA-5 e FA-9 (102,24) e FA-1 e FA-7 (101,86) como os pares de famílias mais divergentes.

Observa-se que as famílias mais distantes, FA-3 (RB83102 X RB855035) e FA-4 (RB92606 X RB92579) não são aparentadas, confirmando assim, o que se esperava, pois quanto mais diferentes os materiais, presumia-se maiores distância entre eles. Porém, a segunda combinação mais divergente, FA-3 (RB83102 X RB855035) e FA-5 (RB83102 X RB855595), apresentam relação de parentesco, pois tem em comum o progenitor feminino utilizado no cruzamento biparental para obtenção das famílias.

As distâncias entre os pares de famílias, considerando as 12 características agroindustriais, indicaram que os pares mais similares foram: FA-4 (RB92606 X RB92579) e FA-10 (CP881540 X RB92579) e FA-2 (RB867515 X RB953114) e FA-8 (RB867515 X RB95546). Verifica-se, portanto, que esses materiais são aparentados, onde na combinação FA-4 e FA-10 apresentam o progenitor masculino em comum (RB92579) e na combinação FA-2 e FA-8 (RB867515) apresentam o progenitor feminino em comum.

CRUZ e REGAZZI (2004) sugerem o não envolvimento de indivíduos de mesmo padrão de dissimilaridade nos cruzamentos, de modo a não restringir a variabilidade genética e, assim, evitar reflexos negativos nos ganhos a serem obtidos pela seleção. Conforme relatado por ABREU et al., (1999) e CARPENTIERI-PÍPOLO et al., (2000), as

melhores combinações híbridas a serem testadas em um programa de melhoramento, devem envolver parentais tanto divergentes como de elevada performance média.

A identificação dos pares mais distantes ou divergentes é um aspecto visado pelos fitomelhoristas, uma vez que pode orientar uma combinação de genitores para ganho em heterose (ALLARD, 1971). Sabe-se que o conhecimento dos pares de progênies de maior divergência orienta o processo hibridação. Assim, os pares mais divergentes devem ser utilizados em cruzamentos para a geração de híbridos mais heteróticos.

**Tabela 2.** Estimativas das distâncias entre as dez famílias (FA) de cana-de-açúcar quantificadas pelo método das distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D^2$ ). PE, 2011.

FA	Distâncias entre famílias										
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	$D^2 >$	$D^2 <$
FA-1	24,65	116,54	23,19	58,74	42,32	101,86	44,66	62,53	32,67	116,54	23,19
FA-2	0	59,91	65,95	63,88	37,50	72,53	8,82	23,69	68,87	72,53	8,82
FA-3		0	146,75	130,02	56,59	30,76	29,55	36,51	126,58	<b>146,75</b>	29,55
FA-4			0	60,36	39,52	107,35	79,39	120,73	8,10	146,75	<b>8,10</b>
FA-5				0	33,85	117,06	75,24	102,24	69,11	130,02	33,85
FA-6					0	30,91	30,08	66,60	32,14	66,60	30,08
FA-7						0	39,79	83,57	78,21	117,06	30,76
FA-8							0	19,93	68,69	79,39	8,82
FA-9								0	115,28	120,73	19,93
FA-10									0	126,58	8,10

Os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética pelo método de SINGH (1981) entre as 10 famílias de cana-de-açúcar foram TCH e TBH, com valores de

contribuição de 41,96 e 23,99 %, respectivamente, totalizando 65,95% (Tabela 3). Entre os caracteres avaliados por SILVA (2008) em estudo de divergência genética de dezoito genótipos de cana-de-açúcar, sendo sete variedades comerciais e onze clones RB, os que mais contribuíram foram pol na cana, tonelada de cana por hectare, brix na cana e altura média de colmos.

Quanto aos coeficientes de variação genética observa-se que os caracteres TCH (14,88), TBH (12,69) e TPH (13,09) apresentaram valores mais altos, acima de 10%. Segundo OLIVEIRA et al., 2005 e BASTOS et al., 2007, valores acima de 10% já indicam haver presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção efetiva entre as famílias. A razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental ( $CV_G/CV_E$ ) observados foram superiores a unidade para os caracteres PUR (1,94), BC (2,20) e ATR (2,09), refletindo a condição favorável para seleção destes caracteres (VENCOSVKY, 1987). A relação  $CV_G/CV_E$  de magnitude superior a 1,0 mostra condições adequadas ao melhoramento, o que foi observado por SILVA (2008), nos caracteres NC, PMC, TCH, PC e BC, indicando que o componente genético foi mais importante que o ambiental.

Observa-se que as herdabilidades médias exibiram valores médios e altos para os caracteres AMC (57,56%), TCH (67,79%), TPH (62,89%), TBH (60,10%), PUR (93,76%), BC (95,10%) e ATR (94,57%), indicando possibilidade de êxito para seleção, visto que há predominância do componente genético atuando nestes caracteres. Valores semelhantes de herdabilidade foram obtidos por BRESSIANI (2001) para os caracteres BC, TCH e TBH. Segundo HOGARTH (1980), alguns resultados indicam que a ação gênica predominante no teor de Brix é a aditiva, sendo que para os demais componentes de produção é a não aditiva. CAVALCANTI (1990), avaliando parâmetros genéticos em

caracteres de cana-de-açúcar encontrou grande amplitude de resultados para as estimativas de herdabilidade. Esta grande faixa de variação pode ser devido a vários fatores, tais como, problemas de amostragem, às diferenças existentes entre populações e às diferenças de ambiente (VENCOSVKY, 1970; PESEK e BAKER, 1971; RAMALHO et al., 1993).

**Tabela 3.** Importância relativa de 12 caracteres agroindustriais para estudo da diversidade genética entre dez famílias de cana-de-açúcar, segundo critério de Singh (1981) e parâmetros associados a essas características. PE, 2011.

<b>Características</b>	<b><i>S.j</i></b>	<b><i>S.j</i> (%)</b>	<b>Herdabilidade (<math>h^2_a</math>)</b>	<b><i>CVg</i></b>	<b><i>CVg / CVe</i></b>
NMC	185,56	2,63	33,18	8,76	0,35
DMC	32,12	0,45	1,13	0,41	0,05
AMC	143,65	2,04	57,56	4,33	0,58
PMC	320,83	4,55	2,84	1,17	0,08
TCH	2958,63	41,96	67,79	14,88	0,72
TPH	50,96	0,72	62,88	13,09	0,65
TBH	1691,15	23,99	60,10	12,69	0,61
FIB	69,74	0,99	9,34	1,10	0,16
PC	40,51	0,57	32,05	2,13	0,34
PUR	902,46	12,80	93,76	2,73	1,94
BC	64,86	0,92	95,10	3,60	2,20
ATR	589,69	8,36	94,57	4,39	2,09

*S.j*: contribuição da variável *x* para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos *i* e *i'*, *CVg*: coeficiente de variação genética, *CVe*: coeficiente de variação ambiental,  $h^2_a$ : herdabilidade no sentido amplo, número médio de colmos (NMC), diâmetro médio dos colmos (DMC), altura média dos colmos (AMC), peso médio dos colmos (PMC), toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por

hectare (TPH), toneladas de brix por hectare (TBH), pol na cana (PC), brix na cana (BC), fibra % cana (FIB), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR).

Na Tabela 4, são apresentados os grupos formados pelo método de otimização de Tocher das dez famílias. Houve a formação de quatro grupos, sendo os dois maiores grupos formados por três famílias cada (30% do total em cada grupo) e outros dois grupos com duas famílias em cada grupo (20% do total em cada grupo). Esse padrão de distribuição reforça a variabilidade entre as famílias constatadas na análise de variância e, conseqüentemente, uma grande divergência genética. As famílias FA-4 (RB92606 X RB92579), FA-10 (CP881540 X RB92579) e FA-1 (RB92579 X RB855330) agrupadas dentre as famílias do grupo I possuem a mesma constituição genética materna ou paterna (RB92579). As famílias FA-2 (RB867515 X RB953114) e FA-8 (RB867515 X RB95546), reunidas no grupo II possuem o progenitor feminino em comum (RB867515), enquanto a família FA-9 (RB946903 X RB863129) agrupada nesse mesmo grupo, não possui nenhum grau de parentesco com as demais famílias deste grupo. As famílias FA-5 (RB83102 X RB855595) e FA-6 (RB855035 X RB855595), agrupadas no grupo IV possuem a mesma constituição paterna (RB855595). Já as famílias FA-3 (RB83102 X RB855035) e FA-7 (RB855025 X RB863129) não possuem parentesco e foram reunidas no mesmo grupo (Grupo III); e as famílias FA-3 (RB83102 X RB855035) e FA-5 (RB83102 X RB855595) apesar de ter a mesma constituição genética feminina (RB83102), foram agrupadas em diferentes grupos, III e IV, respectivamente.

Com base nos resultados obtidos pelo agrupamento de Tocher e no desempenho das famílias da referida série, poderiam ser indicados cruzamentos entre as famílias mais divergentes e mais produtivas, pois segundo CARPENTIERI-PÍPOLO et al., (2000), a identificação de genótipos com base somente na divergência sem considerar o seu

desempenho, pode não ser uma boa alternativa, sendo recomendado o uso de indivíduos divergentes com características agrônômicas importantes. Sendo assim, considerando o desempenho e a divergência, recomendam-se os cruzamentos entre as famílias FA-10, FA-2, FA-3 e FA-5, que pertencem a grupos distintos, por serem bastante divergentes (Tabela 2) e os mais produtivos, de acordo com o caráter TBH, aliados aos caracteres TCH e TPH (Tabela 1).

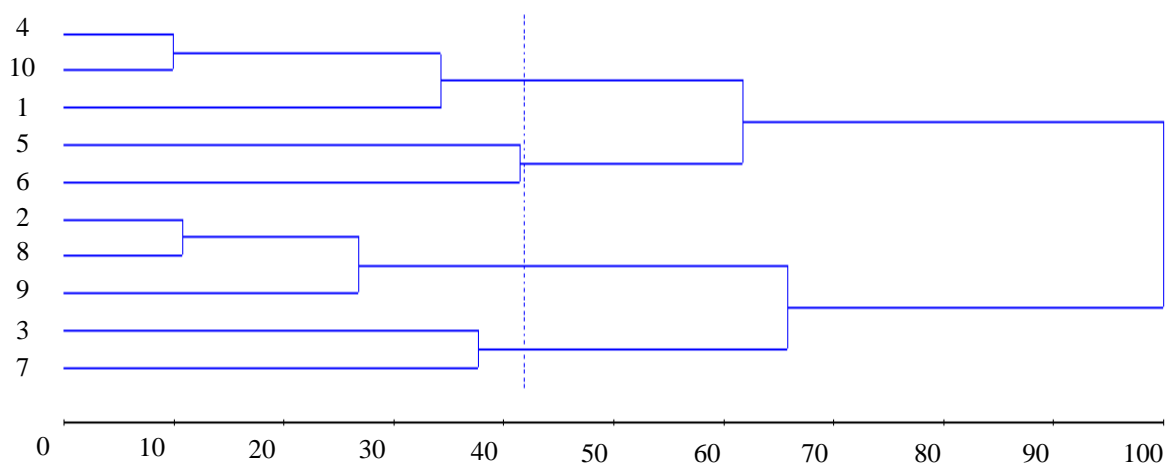
**Tabela 4.** Formação dos grupos de dissimilaridade pelo método de Tocher a partir das distâncias de Mahalanobis estimadas para as dez famílias RB de cana-de-açúcar, avaliados para doze caracteres agroindustriais. PE, 2011.

<b>Grupos</b>	<b>Famílias</b>	<b>%</b>
I	4, 10 e 1	30
II	2, 8 e 9	30
III	3 e 7	20
IV	5 e 6	20

De acordo com o dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 2), as famílias foram reunidas em quatro grupos considerando-se o corte a aproximadamente 42% da distância genética relativa, conforme o critério mencionado por CRUZ e CARNEIRO (2006), no qual os pontos de alta mudança de nível são considerados delimitadores do número de genótipos para determinado grupo. Este método UPGMA agrupou de forma semelhante ao método de agrupamento de Tocher as dez famílias de cana-de-açúcar quanto à dissimilaridade, sendo as famílias, no UPGMA e no método de Tocher distribuídas em quatro grupos. O grupo I englobou as famílias 4, 10 e 1 correspondendo ao grupo I do método de Tocher; o grupo II (5 e 6) correspondeu exatamente ao grupo IV do método de Tocher; o grupo III (2, 8 e 9)



correspondeu ao grupo II e o grupo IV (3 e 7) correspondeu ao grupo III do método de otimização de Tocher. Essa similaridade entre esses dois métodos de agrupamento reforça as possíveis recomendações de cruzamento entre as famílias avaliadas.



**Figura 2.** Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), com base na distância de Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ), para as dez famílias de cana-de-açúcar. PE, 2011.

Os coeficientes de trilha fenotípicos (Tabela 5) explicaram bem as variações em TCH, como indica o alto valor de determinação do modelo ( $R^2 = 0,8962$ ) e pelo efeito residual pequeno (0,3222), o que reflete a excelente contribuição das variáveis do modelo para a produção de colmos. O maior efeito fenotípico direto positivo sobre a produtividade de cana (TCH) foi expresso pelo caráter NMC (0,9851).

BRESSIANI et al., (2001) relata que os componentes envolvidos na tonelagem de açúcar são a TCH e o brix na cana. Ambos são de grande importância, sendo possível ainda subdividir a TCH nos componentes, número de colmos por hectare e massa de colmos, este último sendo composto pelo diâmetro, altura e densidade do colmo.

Neste contexto, uma segunda análise de trilha foi realizada, definindo-se um modelo de regressão em que PMC é dado como a variável principal e AMC e DMC as variáveis explicativas (Tabela 6). Os efeitos diretos de AMC e DMC sobre PMC foram pequenos (0,2940 e 0,2385). FERREIRA et al., (2007) obtiveram efeito direto fenotípico de AMC de maior magnitude quando comparado a DMC. Já resultados obtidos por SILVA (2008), apresentaram efeitos diretos e altos das variáveis AMC e DMC com a variável PMC.

Foram realizadas também outras duas análises de trilha, uma com os componentes de qualidade tecnológica, definindo-se um modelo de regressão em que PC é dado como a variável principal e BC, FIB e PUR e ATR as variáveis explicativas (Tabela 7), e a outra, com os componentes agroindustriais, definindo-se um modelo de regressão em que TPH é dado como a variável principal e, TCH e PC as variáveis explicativas (Tabela 8).

Observa-se na Tabela 7 que, fenotipicamente, a variável que diretamente contribui para explicar o teor de sacarose na cana (PC) foi o ATR (0,7631), já o efeito direto fenotípico de PUR foi pequeno (0,3961). Os coeficientes de trilha fenotípicos explicaram bem as variações em PC, como indica o alto valor de determinação do modelo ( $R^2 = 0,9443$ ) e pelo efeito residual pequeno (0,2360), o que reflete a excelente contribuição das variáveis do modelo para a produção de sacarose.

A variável TCH apresentou efeitos diretos altos sobre TPH (0,9830), conforme verifica-se na Tabela 8. Esse efeito de elevada magnitude entre TPH e TCH evidencia a importância desse caráter em programas de melhoramento, visando a elevação da produtividade de açúcar. A variável PC apresentou efeito direto pequeno e positivo sobre TPH (0,1339). Os coeficientes de determinação ( $R^2$ ) fenotípico igual a 0,8572, e o

baixo efeito residual de 0,3779, representa satisfatoriamente a contribuição de TCH para explicar a produtividade de açúcar. SILVA (2008) e REDDY e REDDI (1986) também observaram superioridade do efeito direto da produtividade de cana para explicar a produtividade de açúcar.

**Tabela 5.** Análise de trilha fenotípica dos componentes de produção número médio de colmos (NMC), altura média de colmos (AMC) e diâmetro médio de colmos (DMC) sobre a variável principal tonelada de cana por hectare (TCH). Recife (PE), 2011.

Variáveis	Fenotípica
<b>NMC</b>	
Efeito direto sobre TCH	0,9851
Efeito indireto via DMC	-0,0232
Efeito indireto via AMC	-0,0534
Total	0,9085
<b>DMC</b>	
Efeito direto sobre TCH	0,1109
Efeito indireto via NMC	-0,2063
Efeito indireto via AMC	0,1160
Total	0,0207
<b>AMC</b>	
Efeito direto sobre TCH	0,1966
Efeito indireto via NMC	-0,2677
Efeito indireto via DMC	0,0655
Total	-0,0056
<b>Coefficiente de determinação (R<sup>2</sup>)</b>	
Efeito da variável residual	0,3222

**Tabela 6.** Análise de trilha fenotípica dos componentes de produção altura de colmos (AMC) e diâmetro de colmos (DMC) sobre peso médio de colmos (PMC). PE, 2011.

<b>Variáveis</b>	<b>Fenotípica</b>
AMC	
Efeito direto sobre PMC	0,2940
Efeito indireto via DMC	0,1406
Total	0,4346
DMC	
Efeito direto sobre PMC	0,2385
Efeito indireto via AMC	0,1733
Total	0,4118
Coeficiente de determinação ( $R^2$ )	0,2260
Efeito da variável residual	0,8798

**Tabela 7.** Análise de trilha fenotípica dos componentes tecnológicos brix na cana (BC), fibra % cana (FIB), pureza na cana (PUR) e açúcar total recuperável (ATR) sobre pol na cana (PC). PE, 2011.

<b>Variáveis</b>	<b>Fenotípica</b>
<b>BC</b>	
Efeito direto sobre PC	-0,0043
Efeito indireto via FIB	0,0002
Efeito indireto via PUR	0,0279
Efeito indireto via ATR	0,3997
Total	0,4236
<b>FIB</b>	
Efeito direto sobre PC	-0,0033
Efeito indireto via BC	0,0003
Efeito indireto via PUR	-0,1596
Efeito indireto via ATR	-0,2919
Total	-0,4546
<b>PUR</b>	
Efeito direto sobre PC	0,3961
Efeito indireto via BC	-0,0003
Efeito indireto via FIB	0,0013
Efeito indireto via ATR	0,2595
Total	0,6567
<b>ATR</b>	
Efeito direto sobre PC	0,7631
Efeito indireto via BC	-0,0022
Efeito indireto via FIB	0,0013
Efeito indireto via PUR	0,1347
Total	0,8969
Coeficiente de determinação ( $R^2$ )	0,9443
Efeito da variável residual	0,2360

**Tabela 8.** Análise de trilha fenotípica dos componentes toneladas de cana por hectare (TCH) e pol na cana (PC) sobre a produtividade em açúcar (TPH). PE, 2011.

<b>Variáveis</b>	<b>Fenotípica</b>
<b>TCH</b>	
Efeito direto sobre TPH	0,9830
Efeito indireto via PC	-0,0646
Total	0,9184
<b>PC</b>	
Efeito direto sobre TPH	0,1339
Efeito indireto via TCH	-0,4742
Total	-0,3403
Coeficiente de determinação ( $R^2$ )	0,8572
Efeito da variável residual	0,3779

#### 4. CONCLUSÕES

1. As famílias FA-2, FA-3, FA-5, FA-8 e FA-9, podem ser selecionadas para produção de cana e açúcar.
2. Os resultados com base no brix indicam as famílias FA-4, FA-5, FA-6 e FA-10 com tendência para maturação precoce.
3. Os caracteres TCH e TBH são os que mais contribuem para a divergência genética entre as famílias.
4. O uso dos pares de famílias mais divergentes FA-3 X FA-4, FA-3 X FA-5, FA-3 X FA-10, FA-4 X FA-9, FA-5 X FA-7, FA-3 X FA-1, FA-9 X FA-10, FA-4 X FA-7, FA-5 X FA-9 e FA-1 X FA-7 podem ser recomendadas para uso no melhoramento com possibilidades de proporcionar novas combinações com êxito na seleção.

5. A variável NMC pode ser utilizada na seleção indireta de famílias mais produtivas, uma vez que teve efeito direto positivo e elevado sobre TCH.

## AGRADECIMENTOS

Agradecimentos à Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucro Alcooleiro (RIDESA) pelo apoio financeiro e logístico recebido pela Estação Experimental de Cana-de-Açúcar de Carpina (EECAC) e Usina São José para execução das atividades de campo permitindo a viabilização e realização plena das atividades de pesquisa.

## REFERÊNCIAS

ABREU, A de F.B; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F. Selection potential for seed yield from intra and inter-racial populations in common bean. **Euphytica**, v.108, 121-127, 1999.

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

BARBOSA, M.P.H.; SILVEIRA, L.C.I. Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **STAB – Açúcar, Álcool e Subprodutos**, Piracicaba, n.1, p. 30-32. 2000.

BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BURNQUIST, W.L.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, F.L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 62, n. 2, p. 199-206, 2003.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C.E.C.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; SILVA, F.A. DA. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, 1613-1619, 2000.

CRUZ, C.D. **Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2007. (Versão 2007.0.0).

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

CRUZ C.D.; REGAZZI AJ. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 2004, 480 p.

DILLEWIJN, C. Botany of sugar cane. **Walthen: Chronica Botanica**, 1952. p.136-141. 359p.



DUTRA FILHO, J.A. **Avaliação da variabilidade fenotípica e genética em genótipos de cana-de-açúcar utilizando marcadores moleculares RAPD e SSR.** 2010. 153p  
Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

FERNANDES, A. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar.** 2. ed. Piracicaba, SP: Ed. EME, 2003. 240p.

HOGARTH, D.M. 1980. The effect of accidental selfing on the analysis of a diallel cross with sugar cane. **Euphytica** 29: 737-746.

KOFFLER, N.P.; LIMA, J.F.W.F.; LACERDA, J.F.; SANTANA, J.F.; SILVA, M.A. **Caracterização edafo-climática das regiões canavieiras do Brasil:** Pernambuco. Piracicaba, SP: Ed. Planalsucar 1986. 78p.

LÚCIO, A. D. **Erro experimental relacionado às características dos ensaios nacionais de competição de cultivares.** 1999. 73p. Tese (Doutorado em Agronomia), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Campus de Jaboticabal, Jaboticabal.

MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistic. Proceedings of the National Institute of Science, **Delhi**, v.2, p.49-55, 1936.

MAMEDE, R.Q.; BASSINELO, A.I.; CASA GRANDE, A, A. MIOQUE, J.Y.J. Potencial produtivo de clones RB de cana-de-açúcar no município de Nova Europa – SP. **STAB: açúcar, álcool e subprodutos**, v. 20, p. 32-35, 2002.

MELO, L. J. O. T. de., OLIVEIRA, F. J., BASTOS, G. Q., ANUNCIÇÃO FILHO, C. J., REIS, O. V. dos. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**. n. 2, v. 65, p 197-205, 2006.

PALOMINO, E. C.; MORI, E. S.; ZIMBACK, L.; TAMBARUSSI, E. V.; MORAES, C. B. Genetic diversity of common bean genotypes of Carioca commercial group using RADP markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.5, p.80-85, 2005.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 1952. 390p.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M.H.P.; VILELA, M.D.; PETERNELLI, R.L.A.; COSTA, P.M.A.; SILVA, F.L. Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. **Revista Ceres**. n. 55, v.1: p 1-8, 2008.

SILVA, G.C. **Seleção de clones RB de cana-de-açúcar no litoral sul da zona da mata de Pernambuco utilizando técnicas multivariadas**. 2008. 109p. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

SILVA, P.P. **Divergência genética em genótipos de cana (*Saccharum spp.*) através de caracteres morfoagronômicos e por marcadores moleculares.** 2006. 96p. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Produção Vegetal) - Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v.41, n.1, p.237-245, 1981.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, n.3, p.507-512, 1974.

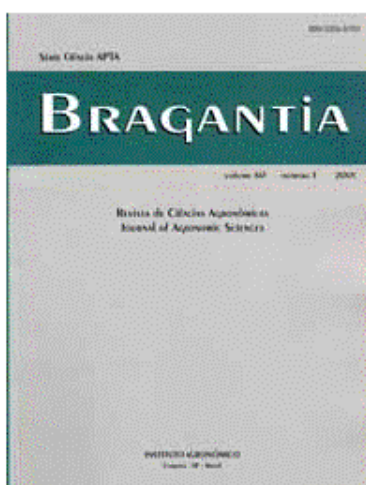
SOKAL, R.R.; MICHENER, D. A statistical method for evaluation systematic relationships. **University of Kansas Scientific Bulletin**, Kansas, v.38, p.1409-1438, 1958.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v.20, n.7, p.557-585, 1921.

## **ANEXO**

**NORMAS DA REVISTA BRAGANTIA**

# BRAGANTIA

**Inglês****Revista de Ciências Agronômicas**

Editada pelo Instituto Agrônomo,  
Campinas, São Paulo

ISSN: 0006-8705 - Versão impressa

ISSN: 1678-4499 - Versão online

**Conteúdo**  
**Conheça Bragantia**  
**Comissão Editorial**  
**Instruções aos autores**  
**Assinaturas**

"A revista Bragantia lembra aos autores que o cumprimento das instruções é essencial para a submissão do trabalho e ressalta que artigos em desacordo com as recomendações serão prontamente devolvidos aos autores e o processo de avaliação cancelado."

## **Preparação de originais**

Os autores devem digitar no espaço "Comentários ao Editor" uma carta de encaminhamento, apresentando o trabalho e explicitando a principal contribuição do mesmo para o avanço do conhecimento na área de Ciências Agrárias. A carta de encaminhamento deve indicar que o trabalho não foi submetido para publicação em outro periódico.

Os artigos e as revisões devem ter até 25 páginas (folha tamanho A4 com margens de 3 cm, fonte em Times New Roman tamanho 12, páginas e linhas numeradas sequencialmente), incluindo tabelas e figuras. As Notas Científicas devem apresentar até 12 páginas, incluindo tabelas e figuras. Notas científicas são breves comunicações, cuja publicação imediata é justificada, por se tratar de fato inédito de importância, mas com volume insuficiente para constituir um artigo científico. As revisões são publicadas a convite da Revista.

O texto deve ser digitado em programa compatível com o Word (Microsoft), em espaçamento duplo. As principais divisões do texto (Introdução, Material e Métodos, Resultados e Discussão e Conclusões) devem ser numeradas, em maiúsculo e negrito, e centralizadas na página. Notas científicas não apresentam divisões, conforme mencionado anteriormente.

O título do manuscrito deve refletir o conteúdo do trabalho e não deve ter subtítulo, abreviações, fórmulas e símbolos. O nome científico deve ser indicado no título apenas se a espécie for desconhecida.

Os nomes do autor e co-autores devem ser inseridos no sistema submission na mesma ordem em que aparecerão no trabalho final. Não indicar a autoria do trabalho no texto do manuscrito que será encaminhado aos assessores ad-hoc.

O resumo e abstract devem apresentar o objetivo da pesquisa de forma clara e concisa, os métodos de forma resumida, os resultados mais relevantes e as conclusões. O texto deve apresentar até 250 palavras, frases curtas, completas e com conexão entre si. Não deve apresentar citações bibliográficas. O título do trabalho em inglês, abstract e key words devem ser fiéis versões do título em português, resumo e palavras-chave.

As palavras-chave e key words não devem repetir palavras do título, devendo-se incluir o nome científico das espécies estudadas. As palavras devem ser separadas por vírgula e iniciadas com letra minúscula, inclusive o primeiro termo. Os autores devem apresentar de 3 a 6 termos, considerando que um termo pode ser composto de duas ou mais palavras.

A Introdução deve ter de uma a duas páginas, conter a justificativa para a realização do trabalho, situando a importância do problema científico a ser solucionado. A informação contida na Introdução deve ser suficiente para o estabelecimento da hipótese da pesquisa. Os autores devem citar trabalhos recentes publicados em periódicos

científicos, porém a citação de trabalhos clássicos é aceita. Deve-se evitar a citação de resumos e abstracts. No último parágrafo da Introdução, os autores devem apresentar a hipótese científica e o objetivo do estudo, da mesma forma que no Resumo.

O Material e Métodos deve apresentar a descrição da condição experimental e dos métodos utilizados de tal forma que haja informação suficiente e detalhada para que o trabalho seja repetido. Fórmulas, expressões ou equações matemáticas devem ser iniciadas à margem esquerda da página. Incluir referências à análise estatística utilizada e informar a respeito das transformações dos dados. A indicação de significância estatística deve ser da seguinte forma:  $p < 0,01$  ou  $p > 0,05$  (letra “p” em minúsculo).

No item Resultados e Discussão, os autores devem apresentar os resultados da pesquisa e discuti-los no sentido de relacionar as variáveis analisadas à luz dos objetivos do estudo. A mera comparação dos resultados com os dados apresentados por outros autores não caracteriza a discussão dos mesmos. Deve-se evitar especulação excessiva e os dados não devem ser apresentados simultaneamente em tabelas e em figuras.

A Conclusão deve ser elaborada de tal forma que responda a questão abordada na pesquisa, confirmando ou não a hipótese do trabalho e estando de acordo com o objetivo. Os autores devem ficar atentos para que a Conclusão não seja um resumo dos principais resultados. A redação da Conclusão deve ser com o verbo no presente do indicativo.



Apenas as referências estritamente necessárias para a compreensão do artigo devem ser citadas, sendo recomendado ao redor de 25 referências para artigos e notas científicas.

A listagem das referências deve iniciar em uma nova página.

As citações de autores no texto devem ser em caixa alta reduzida ou versalete, seguidas do ano de publicação. Para dois autores, usar “e” ou “and” se o texto for em inglês. Havendo mais de dois autores, citar o sobrenome do primeiro, seguido de et al. Ex.: STEEL e TORRIE (1980) ou (STEEL e TORRIE, 1980). HAAG et al. (1992) ou (HAAG et al., 1992). Mais de um artigo dos mesmos autores, no mesmo ano, devem ser discriminados com letras minúsculas: HAAG et al. (1992a,b). Comunicações pessoais, trabalhos ou relatórios não publicados devem ser citados no rodapé, não devendo aparecer em Referências. A citação de trabalhos publicados em anais de eventos científicos deve ser evitada.

As referências são normatizadas segundo os modelos abaixo e devem estar em ordem alfabética de autores e, dentro desta, em ordem cronológica de trabalhos; havendo dois ou mais autores, separá-los por ponto e vírgula; os títulos dos periódicos devem ser escritos por extenso; incluir apenas os trabalhos citados no texto, em tabelas e/ou em figuras, na seguinte forma:

**a) Periódicos**

CAMARGO, C.E.O.; FELÍCIO, J.C.; FERREIRA FILHO, A.W.P.; BARROS, B.C.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; PETTINELLI JÚNIOR, A. Comportamento agronômico de linhagens de trigo no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v.60, p.35-44, 2001.

**b) Livros e capítulos de livros**

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2. ed. New York: McGraw-Hill, 1980. 631p.

JACKSON, M.L. **Chemical composition of soil**. In: BEAR, F.E. (Ed.). **Chemistry of the soil**. 2. ed. New York: Reinhold, 1964. p.71-141.

**c) Dissertações e Teses**

OLIVEIRA, H. DE. **Estudo da matéria orgânica e do zinco em solos sob plantas cítricas sadias e apresentando sintomas de declínio**. 1991. 77f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

Quando absolutamente necessárias ao entendimento do trabalho, tabelas e figuras devem acompanhar o texto. O conjunto tabela ou figura e a sua respectiva legenda deve ser auto-explicativo, sem necessidade de recorrer ao texto para sua compreensão. Os

títulos das tabelas e figuras devem ser claros e completos e incluir o nome (vulgar ou científico) da espécie e das variáveis dependentes. As figuras devem vir no final do texto. São consideradas figuras: gráficos, desenhos, mapas e fotografias usados para ilustrar o texto. Os autores devem evitar cores nas figuras, exceto para fotografias. No caso de figuras compostas, cada gráfico deve ser assinalado com a inscrição “(a)”, em letra minúscula.

As tabelas não devem apresentar linhas verticais e assim como as figuras devem ser posicionadas, nessa ordem, após a listagem das referências. Os números nas tabelas devem ser alinhados pela vírgula na coluna. As figuras e tabelas devem ser acompanhadas pela respectiva legenda, com as unidades das variáveis analisadas seguindo o Sistema Internacional de Medidas e posicionadas no topo das colunas nas tabelas, fora do cabeçalho da mesma. As grandezas no caso de unidades compostas devem ser separadas por espaço e a indicação dos denominadores deve ser com notação em sobrescrito. Exemplos: ( $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ), [ $\text{mg (g MS)}^{-1}$ ].

### **RECOMENDAÇÕES IMPORTANTES:**

- No caso de trabalho que envolva plantio direto, o histórico da área deve ser informado.
- não mencionar o laboratório, departamento, centro ou universidade onde a pesquisa foi conduzida.
- Trabalhos relacionados ao controle químico de pragas e doenças (com produtos naturais e sintéticos) e estudos que envolvam micropropagação e cultura de tecidos não serão considerados para a publicação em *Bragantia*. No caso de reguladores vegetais,

bioestimulantes e demais produtos químicos, os trabalhos devem necessariamente estabelecer uma hipótese bem fundamentada, sendo o agente químico utilizado para testar a hipótese e responder à questão abordada no artigo.

- Os autores devem consultar fascículo recente de Bragantia para ciência do layout das tabelas e figuras.

- Na submissão online dos trabalhos, os nomes do autor e co-autores devem ser inseridos no sistema na mesma ordem em que aparecerão no trabalho final. Não indicar a autoria do trabalho no texto do manuscrito que será encaminhado aos assessores ad-hoc.

- O não atendimento às normas implicará na devolução do trabalho.