ESTUDO COMPLEMENTAR AO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp*)

TÉREZA CRISTINA PEIXOTO

Orientador: Dr. JOÃO RUBENS ZINSLY

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doutor em Agronomia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Dezembro - 1986

A

meus pais

e sobrinhos,

DEDICO

Aos

técnicos agrícolas

Adib

Benedito

Braga

Fábio

Gilmar

Rodolfo

Sérgio

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- A Luiz Vicente de Souza Queiroz, que permitiu que o sonho de muitos se realizasse.

- Ao Professor João Rubens Zinsly, pelo incentivo nos meus estudos.

- Ao Professor Roland Vencovsky, pelas críticas e sugestões valiosas.

- Ao Dr. Wilson Marcelo da Silva, pelo incentivo ao meu desempenho profissional.

- Às amigas Elisabete Azevedo, Isabel Peixoto Pinto, Lourdes Monteiro Melli, que em todos os momentos estiveram presentes com uma palavra de estímulo.

À Adriana de Almeida Prado Kraus e Rosélis Aparecida Mendes Henrique, pelo empenho na confecção deste trabalho.

Aos colegas Cláudio Félix Gomes de Almeida, Eduardo Sanches, Hernando Rangel, Iraneuda Cardinali Ferraz, Jussara Morales, Liliam Amorim, Teresa Losada Valle e William

Lee Burnquist, pelas sugestões na revisão dos cálculos e manuscrito.

- Aos funcionários do Departamento de Genética Gerda e Erica Spruk, Elisabete Leoni Rodrigues, Sérgio Roberto Bertin e Terezinha de Jesus Barrete, pela atenção.

- À Copersucar, pelo apoio na realização deste trabalho.

- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de pesquisa concedida.

INDICE

	<u>página</u>
RESUMO	<i>viii</i>
SUMMARY	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. Base genética da cana-de-açúcar	5
2.2. Estimativas de médias e variâncias em cana- -de-açúcar	11
2.2.1. Amostra mínima para estimação de parâmetros genéticos	12
2.2.2. Estimativa dos componentes da variância	14
2.2.3. Correlação entre caracteres	17
2.2.4. Estimativa de herdabilidade	20
2.2.5. Estimativas de repetibilidade dos caracteres	22
3. MATERIAL E MÉTODOS	24

3.1. Material	24
3.2. Métodos	28
3.2.1. Constituição genética de genitores e progênes	29
3.2.2. Avaliação do material	32
3.2.2.1. Ensaio de produção	32
3.2.2.1.1. Coleta de dados .	32
3.2.2.1.2. Análise estatística	35
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
4.1. Avaliação da variabilidade genética existente entre genitores e progênes	44
4.1.1. Constituição genética dos genitores e progênes	44
4.1.2. Análise da variância dos dados de cana-planta, comparação de médias, variabilidade disponível	46
4.1.2.1. Número de colmos	46
4.1.2.2. Peso de colmos	49
4.1.2.3. Açúcar teórico recuperável .	52
4.1.2.4. Toneladas de açúcar por hectare	54
4.1.3. Análise da variância dos dados de cana-soca, comparação de médias,	

variabilidade disponível	56
4.1.3.1. Número de colmos	58
4.1.3.2. Peso de colmos	59
4.1.3.3. Açúcar teórico recuperável ..	61
4.1.3.4. Toneladas de açúcar por hectare	63
4.1.4. Discussão da variabilidade genética gerada pelos genitores, a partir da metodologia de melhoramento tradicional	65
4.2. Avaliação do estágio de seleção que promove maior exploração do material genético	72
4.2.1. Ganho na seleção e correlação, considerando os dois estádios de seleção	80
5. CONCLUSÕES	83
LITERATURA CITADA	86
TABELAS	96

ESTUDO COMPLEMENTAR AO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-
-AÇÚCAR (*Saccharum* spp)

Autor: Tereza Cristina Peixoto

Orientador: Dr. João Rubens Zinsly

RESUMO

As perspectivas de um programa de melhoramento dependem não só do potencial de variabilidade genética, como também da metodologia adotada para exploração racional deste potencial. O presente trabalho promoveu um estudo complementar ao melhoramento genético da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp), com a finalidade de quantificar o potencial genético das progênes de geração F_1 , obtidas a partir de cruzamentos biparentais, envolvendo genitores de estrutura genética heterozigótica (híbridos intervarietais), conforme metodologia seguida para o melhoramento desta planta. Assim como, avaliou em que estágio de desenvolvimento da planta que explora melhor a variabilidade genética.

Realizou-se a configuração da constituição genética, através do coeficiente de parentesco de MALECOT, de 17 progênes e 17 genitores correspondentes. Este material

foi avaliado num experimento de blocos ao acaso, com três repetições, nos estádios de cana-planta e cana-soca, para os caracteres de número de colmos, peso de colmos (kg), açúcar teórico recuperável (kg/t) e toneladas de açúcar por hectare (t/ha).

Fazendo uma análise dos dados obtidos, nos estádios de cana-planta e cana-soca, individualmente, e considerando-se caráter por caráter, constatou-se que o desempenho das progênes foi inferior ao dos genitores em ambos os estádios, para os caracteres de peso de colmos, açúcar teórico recuperável e toneladas de açúcar por hectare. Confrontando-se esses resultados com a configuração da constituição genética dos genitores e progênes, que indicou a presença de vários ancestrais comuns, caracterizou-se a necessidade de uma reavaliação na metodologia adotada no melhoramento de cana-de-açúcar, visando uma maior liberação de variabilidade genética explorável através das progênes.

Diante do potencial de variabilidade gerado através dos genitores considerados e da metodologia seguida, a análise conjunta dos dados de cana-planta mais soca, para as progênes, indicou que o estágio de desenvolvimento de cana-soca permitiu maior exploração de variabilidade para os caracteres número e peso de colmos e açúcar teórico recuperável.

COMPLEMENTARY STUDY ON SUGARCANE (*Saccharum* spp) BREEDING

Author: Tereza Cristina Peixoto

Advisor: Dr. João Rubens Zinsly

SUMMARY

The prospects of a breeding program depend not only on the potential of genetic variability, but also on the method adapted for the rational exploitation of this variability. This complementary study quantifies the genetic potential of F_1 progenies obtained from biparental crosses involving heterozygotic parents, a crossing system commonly used in sugarcane breeding. The study also indicated the most appropriate stage to exploit the genetic variability.

Initially, the genetic constitution of the 17 progenies and 17 parents studied was evaluated using MALECOT's coefficient of parentage. The progenies and parents were placed in a randomized block design with three repetitions and evaluated for stalk number, stalk weight (kg), theoretical recuperable sugar (kg/t) and tons of sugar

per hectare (t/ha) in plant cane as well as in the first ratoon.

Analyzing the data obtained in plant cane and first ratoon, individually, and considering each of the characters analyzed, the performance of the progenies was found to be inferior to that of the parents in both plant cane and first ratoon, for stalk weight, recuperable sugar and tons of cane per hectare. The comparison of these results with the genetic constitution of parents and progenies, characterized a need to re-evaluate sugarcane breeding methods in order to release a greater amount of explorable genetic variability in the progenies.

The combined analysis of plant cane and first ratoon data indicated that the first ratoon crop permits a greater exploitation of the variability for stalk number, stalk weight and recuperable sugar.

1. INTRODUÇÃO

A presença de variabilidade genética explorável nos materiais de seleção é fator fundamental para se garantir o sucesso de um programa de melhoramento. Assim, a quantificação do potencial desta variabilidade explorável consiste num passo importante para se ter noção da proporção da base genética com a qual se trabalha.

No melhoramento de cana-de-açúcar, as populações bases para seleção originam-se a partir de intercruzamentos de variedades, associando caracteres desejáveis. Tal processo tem sido adotado por muitos países através de dois tipos de cruzamentos, a saber: o biparental, no qual os dois genitores são conhecidos, e o policruzamento, no qual é conhecido apenas o genitor materno, que é polinizado por vários outros genitores. Convém ressaltar que

a estrutura genética dos genitores é altamente heterozigótica, por se tratar de híbridos obtidos pelo mesmo processo.

Os programas de melhoramento diferem na ênfase que dão a qualquer um desses cruzamentos. O primeiro fornece melhor informação quanto à capacidade específica de combinação, mas o segundo permite uma rápida avaliação da capacidade geral de combinação de genitores diferentes. Os dados básicos considerados para direcionar estes tipos de cruzamentos são os de introdução e desempenho do material clonado na condição local, bem como orientação sobre "cruzamentos comprovados", que são cruzamentos caracterizados pela grande quantidade de "seedlings" com boa taxa de seleção. Para processar um programa como este, mantém-se um banco de germoplasma em local favorável para o florescimento natural, sendo enriquecido de tempos em tempos com novas variedades, que vêm se destacando nas condições locais ou de outros países. Portanto, a fonte de variabilidade genética é mantida através destas novas introduções de materiais e pelos cruzamentos que se estabilizam na geração F_1 (DEOTTI et alii, 1984).

Levando-se em conta que a cana-de-açúcar é uma planta de reprodução vegetativa, considera-se que, por um lado, o trabalho de melhoramento é facilitado, porque, à

semelhança de outras plantas, procura-se um material com alta heterozigozidade acompanhada de liberação de vigor e, neste caso, quando encontrado, pode ser perpetuado, o que não ocorre com outras plantas de propagação seminal. Por outro lado, processando-se cruzamentos que se estabilizam na geração F_1 , isto não representa tão ampla vantagem, pela necessidade de se trabalhar com grande número de indivíduos para garantir a possibilidade de sucesso, ou seja, em termos de probabilidade, a chance de encontrar indivíduos superiores, uma vez que os genitores são endógamos.

De maneira geral, num programa de melhoramento é inevitável que a magnitude de avanço decline à medida que a seleção seja praticada e a variabilidade genética esgotada. DANIELS (1965) admitiu que muitos programas de melhoramento de cana-de-açúcar já tinham atingido este platô, considerando que os grandes ganhos obtidos em 1930 e 1940, com o advento do melhoramento através da obtenção de híbridos, já não se repetiam. O primeiro passo a ser dado para se quantificar o potencial genético do banco de germoplasma de cana-de-açúcar, seria processar uma seleção objetiva dos genitores, promovendo uma análise genética quantitativa, através do estudo intensivo de suas progênes, caracterizando sua capacidade de transmitir, assim como, estimando correlações genéticas que dariam uma maneira preferencial de seleção.

O presente trabalho iniciou-se em 1982 com a finalidade de delinear o potencial genético de alguns genitores do banco de germoplasma da Copersucar (Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Alcool do Estado de São Paulo). Este engloba o estudo da variabilidade e estimação de parâmetros genéticos em cana-planta e soca de progênies e genitores de cana-de-açúcar, com o objetivo de caracterizar o potencial genético das progênies F_1 , obtidas pelo intercruzamento de híbridos de cana-de-açúcar, conforme esquema adotado no melhoramento desta planta, assim como avaliar em que estágio de desenvolvimento da planta se explora maior variabilidade genética.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Base genética da cana-de-açúcar

O universo de combinações gênicas dentro de uma população de seres vivos é fator limitante e direcionador das perspectivas de ganhos genéticos exploráveis. Dentro deste âmbito, o conhecimento da base genética da cana-de-açúcar torna-se importante. Para se saber o grau de variação possível de se explorar entre os indivíduos, convém lembrar que, fundamentalmente, o melhoramento trabalha com a variação existente entre os indivíduos para que se possa selecionar os transgressivos. Uma base genética ampla e bem conduzida permite um constante espectro de variação positiva. No caso de uma base genética restrita, a variabilidade entre os genótipos será pequena e, conseqüentemente, o ganho genético ficará bastante comprometido.

A cana-de-açúcar e espécies afins são membros da Tribo Andropogoneae, cujo número básico de cromossomos é $n = 10$. No entanto, membros do gênero *Saccharum* são altamente poliplóides, não sendo conhecido nenhum diplóide ($2n = 20$). Existe grande variabilidade interespecífica e muita aneuploidia. Dentro deste gênero, pode-se encontrar indivíduos de constituição genética diversa, variando de $2n = 40$ até $2n = 205$, o que, sem dúvida, implica numa base genética bastante complexa (SIMMONDS, 1979).

A partir de evidências históricas da evolução da cana-de-açúcar, presume-se que o primeiro ancestral da cana-de-açúcar, *Saccharum robustum*, ocorreu próximo de Nova Guiné, com um conjunto cromossômico $2n = 80$; este local constitui o centro primário de diversidade dos clones *Saccharum officinarum*, com 80 cromossomos, donde se supõe que *Saccharum officinarum* se originou de *Saccharum robustum* (DANIELS, 1973). Em subsequente evolução, os clones *Saccharum officinarum* (canas nobres) migraram para a Ásia Continental, onde se hibridizaram com a espécie local *Saccharum spontaneum*, produzindo os clones híbridos agrupados na espécie *Saccharum sinense* (SIMMONDS, 1979). Outras migrações de *Saccharum officinarum* ocorreram, dando origem às canas nobres de nome Creoula, na Europa, e Bourbon, nas ilhas do Pacífico. Por muitos anos, as canas nobres foram bastante cultivadas por todo o mundo.

O melhoramento de cana-de-açúcar iniciou-se em Java e Barbados quase que simultaneamente, no final do século XIX, e hoje existem aproximadamente 25 programas de melhoramento. O estímulo original foi a necessidade de variedades que tivessem maior potencial de produtividade de açúcar, que as canas nobres, maior resistência a doenças e melhor desempenho de soqueira. O primeiro cruzamento interespecífico foi feito em 1893 em Java, mas apenas se alcançou sucesso com esta metodologia após 1920; neste intervalo, grandes esforços foram empregados no melhoramento de canas nobres. O principal evento em melhoramento de cana-de-açúcar foi a produção em 1921, em Java, da variedade POJ2878, que se originou de *Saccharum spontaneum* retrocruzada para canas nobres. Atualmente, apesar de esta variedade estar ultrapassada, encontra-se em quase todas as genealogias das novas variedades.

Com esta síntese a respeito da constituição genética, origem e disseminação da cana-de-açúcar, conclui-se que a base genética da cana-de-açúcar é bastante ampla, uma vez que apresenta uma diversidade tão grande quanto ao número de conjuntos cromossômicos. Isto, como ponto de partida, garante grande variabilidade, possibilitando ganhos genéticos subsequentes. No entanto, apesar de este arsenal de conjuntos cromossômicos diversificados e da possibilidade de se promover múltiplas combinações sobre estes materiais, a base

genética, sobre a qual se pratica melhoramento, é bastante restrita, uma vez que quase todas as variedades obtidas por melhoramento apresentam grande similaridade com relação à sua genealogia. Esta posição agrava-se mais, quando se constata que a origem da base genética explorada pelo melhoramento surgiu de simples intercruzamentos de apenas 20 representantes de *Saccharum officinarum* com aproximadamente 10 representantes ou derivações de *Saccharum spontaneum* (ARCENAU, 1965 e SIMMONDS, 1979).

Este quadro de evidências reflete um grande estreitamento da base genética também no sentido de que a planta de cana-de-açúcar é, por excelência, uma planta de reprodução cruzada (alógama), e que para ser representada precisa que haja um número de indivíduos suficiente para delinear a sua população efetiva (potencial de combinação gênica). Assim sendo, nos primórdios do melhoramento de cana-de-açúcar, ao se intercrossar *Saccharum officinarum* com *Saccharum spontaneum* a partir do número de indivíduos citados, a base genética inicial já era insuficiente para agrupar o potencial genético pertinente às duas espécies (PEIXOTO, 1981).

O estreitamento da base genética, a princípio, já foi bastante grande, agravando-se com a metodologia seguida no melhoramento de cana-de-açúcar, onde as variedades

existentes apresentam genealogia idêntica. STOKES e TYSDAL (1962), TAI e MILLER (1978), POMMER e BASTOS (1984) e PEIXOTO et alii (1984), avaliando a genealogia de variedades de cana-de-açúcar, são concordes ao afirmarem que tal procedimento promove grande esgotamento de variabilidade genética. De maneira particular, o estudo de PEIXOTO et alii (1984) afirma que os ganhos genéticos obtidos através desta metodologia são fruto da exploração dos conjuntos cromossômicos iniciais e, principalmente, pela aneuploidia neles inserida (WALKER e SIMMONDS, 1984).

PEIXOTO et alii (1984) ressaltam o aspecto da herança extracromossômica dos novos híbridos de cana-de-açúcar, pois os cruzamentos iniciais de *Saccharum officinarum* e *Saccharum spontaneum* sempre foram realizados recorrendo à *Saccharum officinarum* como genitor materno, demonstrando que existe potencialmente uma vulnerabilidade genética às pragas, moléstias e às condições estressantes de ordem extracromossômica.

Esta preocupação com a restrição da base genética de cana-de-açúcar é geral na maioria dos programas de melhoramento do mundo; DANIELS (1965) admitia que muitos programas já haviam atingido seu platô, considerando-se que os grandes ganhos obtidos em 1930 e 1940, com o advento do melhoramento híbrido, não se repetiam. O primeiro programa

que partiu para uma ampliação de base genética, mantendo uma reserva de diversidade, foi o de Barbados, que processou o melhoramento através de seleção massal de 30 novos representantes de *Saccharum spontaneum* e *Saccharum officinarum*. Por outro lado, para manter a base genética da cana-de-açúcar, muitas expedições para os centros de origem e diversidade têm sido realizadas com o objetivo de formar novas coleções que agreguem grande potencial de variabilidade genética (SIMMONDS, 1979).

Diante desta panorâmica que descreve a base genética restrita, com a qual se pratica melhoramento de cana-de-açúcar, percebe-se que os objetivos traçados pela metodologia tradicional de explorar a heterose do intercruzamento de indivíduos híbridos (genitores) e de genealogia próxima é conflitante, pois trabalhos de KOELREUTER (1761 e 1766), citados por BREWBAKER (1969), já diziam que a maior exploração do vigor híbrido (heterose) estava relacionada com o grau de dessemelhança genética dos genitores envolvidos, fato não contestado na literatura até hoje.

Visando adoções de métodos objetivos para ampliação da variabilidade genética da cana-de-açúcar, o trabalho de PEIXOTO et alii (1984) relata as alternativas de manutenção e exploração do potencial genético que vêm sendo

realizadas pelo programa de melhoramento da Copersucar. Além de melhor avaliação dos genitores, manejo de florescimento e introdução de germoplasma selvagem, relata a adoção do método de seleção recorrente, conforme descrição feita por HULL (1945), como fundamento primordial de ampliar a base genética, por iniciar a recorrência na geração F_2 e, em seguida, explorá-la de forma a aumentar a frequência gênica dos caracteres de interesse agrônômico.

2.2. Estimativas de médias e variâncias em cana-de-açúcar

O sucesso na obtenção de variedades altamente produtivas de cana-de-açúcar depende da identificação, a priori, dos genitores dos cruzamentos que produzam progênie superiores e da seleção dos melhores indivíduos dentro das progênie. A identificação dos genitores com boa capacidade de combinação tem sido baseada em testes de produção de sua descendência. Grande ênfase tem sido dada ao estudo da capacidade geral e específica de combinação dos genitores (WU et alii, 1978).

A quantidade de espaço, trabalho e tempo requisitado para avaliar genótipos individuais em ensaios de produção é de tal magnitude que é preciso um método confiável

para avaliar a progênie nos primeiros estádios de seleção. WU et alii, 1978, avaliaram genitores e cruzamentos baseados na média e na variância dos componentes de produção na progênie. Os autores antes citados avaliaram genitores em policruzamentos com uma descendência de 250 indivíduos e genitores em cruzamentos biparentais com uma progênie de 100 indivíduos. Admitem também que, levando em conta que o terreno disponível e a mão-de-obra são limitados, o melhorista deve escolher entre avaliar uma progênie numerosa de poucos cruzamentos ou uma progênie pequena de muitos cruzamentos.

Vários estudos têm sido feitos para determinar o número mínimo de indivíduos necessários em uma progênie para estimar, com razoável precisão, a média e a variância dos componentes da produção em cana-de-açúcar.

2.2.1. Amostra mínima para estimação de parâmetros genéticos

O tamanho mínimo de uma amostra é definido como o número mínimo de indivíduos necessários para estimar com razoável precisão a média e a variância de um caráter em uma população. Esse número mínimo de indivíduos deve permitir a total expressão da variabilidade do caráter sob estudo.

ROBERTSON em 1957, citado por PEIXOTO e RICCI (1984), desenvolveu uma pesquisa de âmbito geral para determinar o tamanho ótimo de uma progênie para se processar seleção, associando amostras de diferentes tamanhos à herdabilidade da característica em estudo. Deste trabalho resultaram as primeiras fórmulas básicas para o cálculo de população efetiva, de acordo com a origem genética do material.

No caso de cana-de-açúcar, existe divergência nos resultados obtidos para amostra mínima. WU et alii (1978) trabalharam com cinco policruzamentos, avaliando 250 "seedlings" de cada um. Os 1.250 "seedlings" foram plantados no primeiro estágio de seleção e depois clonados para o segundo e terceiro estágios de seleção. Os dados foram tomados em cada estágio, na idade de oito meses, com base em amostras de 5, 10, 20, 30, 40, 50, 60 e 70 plantas. Os resultados mostraram que 40 plantas é o número mínimo requerido para se estimar a média e a variância para Brix, número, diâmetro e comprimento de colmo. POLLOCK (1980) trabalhou com cinco cruzamentos biparentais, avaliando 200 "seedlings" de cada um. As amostras foram de 10, 20, 30, 40, 50, 60 e 70 "seedlings". Os resultados indicaram que 70 "seedlings" permitem uma estimação precisa da variabilidade dentro de uma progênie.

O trabalho de MARIOTTI et alii (1981) apresenta dados de 31 famílias originadas de cruzamentos biparentais analisadas no segundo estágio de seleção. Tomou-se um número mínimo de 20 e um máximo de 30 genótipos por família. Os resultados indicaram que as amostras de 20 genótipos por família foram suficientes para estimar a média das famílias para características como qualidade do suco, número de colmos, rendimento de cana e peso do colmo.

PEIXOTO e RICCI (1984) trabalharam com a progênie obtida de um policruzamento, envolvendo apenas genitores SP. Com o material obtido, instalou-se um experimento com quatro tratamentos, correspondentes a parcelas de 50, 100, 150 e 200 plantas e 25 repetições. Os resultados mostraram que 100 plantas por progênie é uma amostra ótima para se explorar a segregação de variabilidade para os caracteres comprimento e diâmetro do colmo, Brix e produção por touceira. No entanto, o caráter número de colmo necessitou de 150 plantas para ser avaliado.

2.2.2. Estimativa dos componentes da variância

O objetivo do melhorista é produzir famílias que tenham um desempenho médio superior e suficiente variabilidade genética para permitir uma seleção efetiva dos

melhores genótipos. Para consegui-lo, o melhorista deve planejar um programa de melhoramento que lhe possibilite produzir e reproduzir os genótipos que apresentem as combinações gênicas ótimas para determinado caráter. GARDNER (1963) salienta que a informação de natureza estatística que existe em uma população é de importância fundamental no planejamento do referido programa. Esta informação, interpretada geneticamente, permite predizer respostas à seleção artificial. Para tanto, o melhorista precisa conhecer não só qual porção da variação total entre as plantas é o resultado direto de diferenças genéticas, bem como a natureza da variação genética existente.

FISHER em 1918, citado por SOUZA JR. (1983), trabalhando com milho, foi o primeiro a decompor a variância genética de uma população panmítica em três componentes: 1) Variância genética aditiva; 2) Variância genética dominante e 3) Variância genética epistática. Outros autores, também citados por SOUZA JR. (1983) ampliaram o trabalho de FISHER, mediante o estudo do efeito da endogamia, a decomposição da variância hereditária, o estudo dos efeitos de ligação e o estudo envolvendo dois locos.

Em cana-de-açúcar, os melhoristas têm feito resistência para aplicar as técnicas de genética quantitativa baseados nas seguintes ocorrências: a) natureza

interespecífica dos híbridos atuais; b) ampla variação dos números cromossômicos; c) alguns clones são altamente auto-estéreis; d) outros são incompatíveis e raramente produzem sementes quando cruzados e e) algumas outras variedades são macho-estéreis ou produzem pouco pólen viável. Porém, existem vários trabalhos que apresentam estimativas dos componentes de variância em cana-de-açúcar.

Do trabalho de BROWN et alii (1968), que estudou 47 cruzamentos, envolvendo genitores das diferentes espécies do gênero *Saccharum* e alguns híbridos interespecíficos, depreende-se que as diferenças na capacidade geral de combinação (efeitos aditivos dos genes) entre os genitores são responsáveis pela variação observada entre as médias dos diferentes grupos de progênie para os caracteres observados. HOGARTH (1971) encontrou que a variância genética aditiva foi mais importante que a dominante para a maioria dos caracteres estudados. Porém, o autor destaca a dificuldade de se obter estimativas precisas dos componentes da variância apesar do uso de experimentos grandes e confiáveis.

MILLER (1977), ao invés dos dois autores citados anteriormente, encontrou que a capacidade geral de combinação não foi significativa para todos os caracteres estudados, enquanto que a capacidade específica de combinação

foi significativa para todos os caracteres. Estas conclusões foram tiradas de um cruzamento dialélico, envolvendo cinco genitores. O autor ressalta, de acordo com seus resultados, que um grande número de cruzamentos deve ser feito entre genitores adaptados e avaliados pela sua capacidade específica de combinação.

HOGARTH et alii (1981), trabalhando com progêies de 50 genitores, estimaram a variância genética, usando sete experimentos em delineamento fatorial. Quarenta e oito "seedlings" por cruzamento foram plantados em dois locais e duas épocas. Os resultados indicaram uma contribuição substancial da variância genética aditiva, o que implica na importância da capacidade geral de combinação. No mesmo experimento, encontrou-se que a variância genética não aditiva foi significativa para todos os caracteres, exceto Brix e número de colmos, o que indica que a capacidade específica de combinação é tão importante quanto a capacidade geral.

2.2.3. Correlação entre caracteres

As estimativas de coeficientes de correlação entre caracteres são úteis na seleção. FALCONER (1964) diz que o estudo dos caracteres correlacionados é de interesse,

primeiro, em relação às causas genéticas da correlação, através da ação pleiotrópica dos genes; segundo, em relação às mudanças causadas pela seleção e, terceiro, em relação à seleção natural.

A seguir apresentam-se os resultados de diferentes pesquisas desenvolvidas para estimar os coeficientes de correlação genéticos e fenotípicos (tabela I).

Tabela 1. Estimativas de coeficientes de correlação genéticos e fenotípicos de caracteres de cana-de-açúcar

Caracteres	Coeficiente de correlação fenotípico	Coeficiente de correlação genotípico	Referências
• Diâmetro e comprimento do colmo	- 0,21 0,37		George, 1959 George, 1962
• Diâmetro e número de colmos	0,01 - 0,12	- 0,29	Brown et alii, 1969 George, 1959 George, 1962
• Comprimento e número de colmos	0,58 - 0,66	- 0,59 ^{**}	Brown et alii, 1969 George, 1959 George, 1962
• Diâmetro e peso do colmo	0,52	- 0,51 ^{**}	Brown et alii, 1969 Hebert, 1965
• Comprimento do colmo e peso da touceira	0,62		George, 1962
• Brix do caldo e peso da touceira	- 0,06		George, 1962
• Brix do caldo e comprimento do colmo	- 0,17		George, 1962
• Brix do caldo e diâmetro do colmo	0,07		George, 1962
• Brix do caldo e fibra % cana	0,14 ^{**} ; 0,01 e 0,29 ^{**}	- 0,21; 0,28 e 0,38	Brown, 1965
• Diâmetro do colmo e produção de cana	0,14		Hebert, 1965
• Diâmetro do colmo e produtividade de açúcar	- 0,01		Hebert, 1965
• Diâmetro do colmo e o açúcar provável % caldo		0,52	Brown et alii, 1969
• Diâmetro do colmo e teor de fibra		- 0,93 ^{**}	Brown et alii, 1969
• Peso do colmo e produção de cana	0,47 ^{**}		Hebert, 1965
• Toneladas de pol por hectare e o número de colmos	0,32		Zacarias, 1977
• Toneladas de pol por hectare e produção de cana/ha	0,79		Zacarias, 1977
• Toneladas de pol por hectare e pol % cana	0,34		Zacarias, 1977
• Peso do colmo e produção de açúcar	- 0,12		Hebert, 1965
• Produção de açúcar/tonelada de cana e a produção de cana	- 0,20		Hebert, 1965
• Número de colmos e açúcar provável		- 0,79 ^{**}	Brown et alii, 1969
• Número de colmos e teor de fibra		0,98 ^{**}	Brown et alii, 1969

2.2.4. Estimativa de herdabilidade

O conceito de herdabilidade originou-se de uma tentativa para determinar se as diferenças que se observam entre os indivíduos surgem das diferenças na sua constituição genética, ou são o resultado da ação do ambiente. O conceito expressa a proporção da variância total, que pode se atribuir ao efeito médio dos genes. Mas a função mais importante da herdabilidade é o seu papel de predição, expressando a confiança no valor fenotípico como guia do valor genético. Em cana-de-açúcar, têm sido conduzidas várias pesquisas, visando estimar a herdabilidade de alguns caracteres. CESNIK (1972) determinou os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h^2_A) de oito caracteres em cana-de-açúcar. Os coeficientes foram altos, o que indicou boa possibilidade de resposta à seleção. O valor de $h^2_A = 0,734$ para peso do colmo foi maior que os encontrados por MARIOTTI (1971) de 0,52 e KHAIRWAL e BABU (1976) de 0,652. Outros autores encontraram os seguintes valores para o mesmo caráter: MARIOTTI (1973) de 0,74; SINGH et alii (1981) de 0,022; KANG et alii (1983) de 0,93.

Para o caráter comprimento de colmo, CESNIK (1972) determinou um valor de $h^2_A = 0,556$; MARIOTTI (1971) de 0,45; GEORGE (1962) de 0,60; KHAIRWAL e BABU (1976) de 0,682; MARIOTTI (1973) de 0,82 e KANG et alii (1983) de 0,84.

O número de colmos apresentou os seguintes valores de herdabilidade, também no sentido amplo, CESNIK (1972) de 0,15; GEORGE (1962) de 0,27; MARIOTTI (1971) de 0,47; KHAIRWAL e BABU (1976) de 0,725; ZACARIAS (1977) de 0,73; MARIOTTI (1973) de 0,91; SINGH et alii (1981) de 0,347 e KANG et alii (1983) de 0,82.

Para graus Brix, os valores de herdabilidade no sentido amplo foram: CESNIK (1972) de 0,522; KHAIRWAL e BABU (1976) de 0,658; SINGH et alii (1981) de 0,662; KANG et alii (1983) de 0,88.

Para sacarose, a literatura relaciona os seguintes valores: KHAIRWAL e BABU (1976) de 0,50 e KANG et alii (1983) de 0,91. Para outros caracteres industriais, as herdabilidades encontradas foram: 0,79 para pol % cana e 0,26 para pol por hectare, ZACARIAS (1977); pol % caldo de 0,59 e pureza do caldo de 0,26, MARIOTTI (1973); pureza: 0,90, açúcar por toneladas de cana: 0,91, toneladas de cana por hectare: 0,81 e toneladas de açúcar por hectare: 0,77, KANG et alii (1983).

A herdabilidade no sentido restrito foi determinada por PEIXOTO e BURNQUIST (1984) para Brix: 0,30, número de colmos: 0,114, altura da planta: 0,31 e peso da touceira: 0,081.

2.2.5. Estimativas de repetibilidade dos caracteres

Um dos problemas mais difíceis no melhoramento da cana-de-açúcar é a avaliação do potencial comercial nos primeiros estádios do programa de seleção. A superioridade no estádio de "seedling", de componentes da produção, tais como: número de colmos por parcela; diâmetro e comprimento do colmo e Brix, pode não fornecer uma informação certa do potencial de produção em campos comerciais, devido à sua não repetibilidade, o que se pode dever à influências ambientais. Se o caráter ou combinação de caracteres é uma boa indicação do potencial de produção, mas não é repetitivo de um estádio para outro, a seleção para este caráter, nos primeiros estádios, não é uma prática útil (LADD et alii, 1974).

Desde que a cana-de-açúcar é propagada vegetativamente, deve-se esperar um alto grau de repetibilidade para a maioria das características, levando em conta, também, o efeito que possam apresentar as influências ambientais. Alguns estudos feitos para estimar a herdabilidade têm mostrado diferenças no grau relativo de repetibilidade para a maioria dos componentes. HEBERTH e HENDERSON (1959), JAMES e MILLER (1971) e BROWN et alii (1968) encontraram que o diâmetro do colmo possui um alto grau de repetibilidade, enquanto que HOGARTH (1971) e MARIOTTI (1973) encontraram que a qualidade do caldo era a

mais repetitiva. SMITH e JAMES (1969) acharam que o número de colmos tem o mais alto grau de repetibilidade de cana-planta para cana-soca.

LADD et alii (1974) concluíram que o diâmetro do colmo é o caráter mais repetitivo, embora seja um dos que menor efeito tem sobre o potencial de produção. De modo inverso, o fator composto, volume de cana, que é o caráter mais útil para predizer a produção, é o menos repetitivo. MILLER e JAMES (1975) encontraram que a repetibilidade do diâmetro do colmo foi superior à de número de colmos e Brix para cana-planta. A repetibilidade do Brix foi maior entre as socas que na cana-planta. O nível de significância foi de 1%.

KANG et alii (1984) encontraram, a níveis de significância, de 5 e 1%, que a repetibilidade clonal foi mais alta para número de colmos em quatro locais. Os coeficientes foram progressivamente menores para germinação: 0,22 a 0,42; açúcar por tonelada de cana: 0,13 a 0,57; toneladas de cana por hectare: 0,08 a 0,40 e toneladas de açúcar por hectare: 0,05 a 0,35.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

O presente estudo foi desenvolvido a partir de materiais gerados pelo programa de melhoramento Copersucar com genitores de ampla utilização do seu banco de germoplasma. Os cruzamentos foram realizados na Estação Experimental Copersucar de Camamu, Bahia, e a avaliação de campo desenvolveu-se na Estação Experimental Copersucar em Piracicaba, São Paulo. No programa de cruzamentos de 1982, foram realizados 17 cruzamentos biparentais, cujas progênies foram inseridas como parte dos tratamentos do presente trabalho, juntamente com 13 genitores correspondentes a estas progênies. Não foi possível instalar a totalidade dos genitores, por se tratar de clones restritos ao banco de

germoplasma, sem material suficiente para participar do ensaio de competição.

Os materiais avaliados correspondem às descendências dos cruzamentos e dos genitores listados a seguir:

Tratamentos

Clones Genitores

Simbologia dos Genitores

Co775	G 1
NA56-79	G 2
SP70-1078	G 3
SP70-1284	G 4
SP71-799	G 8
SP71-1043	G 6
SP71-3079	G 7
SP71-3669	G 5
SP71-5421	G 9
SP71-6180	G 10
SP71-6949	G 11
CP51-22	G 12
SP70-1434	G 13

<i>Cruzamentos</i>		<i>Simbologia das Progenies</i>	
SP71-5421	x	H39-5803	P ₁
H39-5803	x	SP71-5421	P ₂
NA56-79	x	SP70-1284	P ₇
CP34-120	x	SP70-1078	P ₈
CP34-120	x	NA56-79	P ₉
Co775	x	SP71-799	P ₁₀
CP34-120	x	SP71-799	P ₁₁
SP70-307	x	SP71-799	P ₁₂
NA56-79	x	IAC49/131	P ₃
IAC49/131	x	NA56-79	P ₄
NA56-79	x	SP71-3669	P ₅
SP71-3669	x	NA56-79	P ₆
SP71-6949	x	Co775	P ₁₃
SP71-1043	x	NA56-79	P ₁₄
CP51-22	x	SP71-3079	P ₁₅
SP70-1434	x	SP71-6180	P ₁₆
NA56-79	x	Co775	P ₁₇

A genealogia dos genitores envolvidos e as progênies geradas a partir deles encontram-se delineadas na tabela II. Os ancestrais encontrados foram codificados com letras de A a R, em substituição às denominações de origem, objetivando facilitar o cálculo do coeficiente de parentesco de MALECOT (1969) para os genitores e progênies geradas.

Tabela II. Genealogia dos genitores e das progênes por eles geradas a partir de cruzamentos biparentais

3.2. Métodos

As progênies foram obtidas a partir de cruzamentos biparentais, tradicionalmente utilizados nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, reunindo os genitores de origem genética híbrida, segundo seu desempenho per se. Os colmos florescidos, em número de oito por genitor, foram mantidos em cruzamento por um período de 21 dias com as bases imersas em solução preservativa, à base de água, ácido fosfórico, sulfúrico e nítrico, e solução de dióxido de enxofre. Posteriormente, iniciaram-se os trabalhos de colheita, secagem, beneficiamento e embalagem das sementes obtidas.

A germinação foi realizada na Estação Experimental Copersucar em Piracicaba (SP), em estufas com temperatura de 33°C e umidade relativa do ar acima de 60%. Em seguida, as plântulas foram repicadas individualmente para caixas plásticas com substrato à base de torta de filtro decomposta. Após um período de 120 dias, essas plântulas já apresentavam o desenvolvimento ideal para serem colocadas em condições de campo. Na obtenção das mudas dos genitores, foram utilizadas gemas isoladas, germinadas em saquinhos plásticos com o mesmo substrato. Ambos os materiais foram colocados nos experimentos em idênticas condições de

desenvolvimento vegetativo, num solo denominado Latossol Vermelho Escuro, o qual recebeu adubação de acordo com análise química realizada.

O ensaio foi instalado em 26 de fevereiro de 1982, com colheita de cana-planta em 10 de agosto de 1983 e cana-soca em 10 de julho de 1984.

3.2.1. Constituição genética de genitores e progênes

Visando delinear a constituição genética dos materiais, traçou-se a genealogia dos genitores envolvidos neste trabalho e a consequente genealogia das progênes geradas através do cruzamento biparental que as envolveu. Através dos caminhos traçados pelos ancestrais, calculou-se o coeficiente de parentesco de MALECOT (1969). Este parâmetro foi desenvolvido, admitindo-se que o conceito de base genética é dado pelo número de ancestrais e sua contribuição genética relativa a um determinado descendente. Admitindo-se que haja total intercruzamento, teoricamente, 50% dos genes vem de cada progenitor. Isto foi avaliado através do coeficiente de parentesco (KEMPTHORNE, 1973), entre um ancestral e um determinado descendente, não admitindo nenhuma relação entre os ancestrais. Num cruzamento biparental ($A \times B$), as progênes derivadas de diferentes plantas F_2

foram consideradas como relacionadas. O coeficiente de parentesco $f(x,y)$ entre dois genitores relacionados (x,y) foi calculado pela fórmula:

$$f(x,y) = 1/4 (f_{AA} + f_{BB} + 2f_{AB})$$

Este coeficiente mede a fração (probabilidade) de genes idênticos ou comuns, existentes nos indivíduos x e y , os quais originaram-se de ancestrais comuns. Assim, para dois indivíduos de um clone, $f(x,y) = 1$.

Se os genitores ancestrais A e B não são relacionados, então $f_{AB} = 0$ e $f_{x,y} = 0,5$. Os limites para o coeficiente de parentesco foram estabelecidos de acordo com dois critérios:

- a) O coeficiente de parentesco entre dois ancestrais originais é igual a zero ($f = 0$).
- b) O coeficiente de parentesco entre duas progênies selecionadas de um mesmo genitor corresponde a um ($f = 1$).

Com base no exposto, cada coeficiente de parentesco calculado desta maneira foi utilizado para estimar

a contribuição genética relativa de um ancestral na constituição genética de uma progênie específica. No presente trabalho, delineou-se a contribuição genética dos ancestrais para constituição dos genitores estudados e, por sua vez, a contribuição genética destes ancestrais, na constituição das respectivas progênies obtidas pelo intercruzamento destes genitores.

Para cada ancestral, a média da contribuição genética relativa para todas as progênies formou a média de contribuição genética relativa para aquele ancestral. Os ancestrais foram classificados em ordem decrescente, de acordo com a magnitude da contribuição genética relativa. Determinou-se também a frequência do ancestral na genealogia das progênies em estudo. A percentagem igual a 100% indicou que um dado ancestral contribuiu com genes em todas as progênies geradas. Trabalho semelhante foi desenvolvido por HIROMOTO e VELLO (1986) na caracterização da base genética das cultivares brasileiras de soja, que também apresenta uma base genética bastante restrita.

3.2.2. Avaliação do material

3.2.2.1. Ensaio de produção

O delineamento experimental empregado para avaliar o potencial de variabilidade das progênies, em relação aos genitores, foi o de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela correspondeu a uma área de 42 m², com 100 indivíduos plantados isoladamente, representada por cinco linhas de seis metros de comprimento, com espaçamento entre linha de 1,40 metros e entre plantas de 0,30 metros.

3.2.2.1.1. Coleta de dados

Realizou-se a coleta de dados em cana-planta e cana-soca, referentes a número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha. A maneira como foram coletados estes dados será descrita sumariamente.

A. Dados de número de colmos

Antes da colheita foram anotados os dados de número de colmos por parcela.

B. Dados de açúcar teórico recuperável (ATR)

Os dados de açúcar teórico recuperável foram obtidos em cada parcela, a partir da análise laboratorial em três sub-amostras compostas de 30 colmos cada uma, admitindo uma amostragem final de 90 colmos. Para a determinação deste fator foi seguida uma marcha sequencial, padronizada para os laboratórios de análise de cana-de-açúcar.

Cada amostra de colmos foi desintegrada individualmente num aparelho, marca Codistil, modelo forrageiro, sendo retirada uma sub-amostra de 500 g que foi prensada por um minuto a 250 kg/cm², em prensa automática marca Codistil. O caldo obtido foi utilizado nas seguintes determinações:

- 1) Brix refratométrico, utilizando-se refratômetro modelo ABBE-AD.
- 2) Polarização (pol) do caldo, pelo método do sacarímetro automático com fluxo contínuo, marca SACCHAROMAT III, com tubo polarimétrico e prismas de aferição.
- 3) Fibra, pelo método químico, no qual o resíduo úmido do bagaço da prensa foi pesado e desidratado à temperatura de 100°C a 105°C em estufa, com circulação forçada de ar

por seis horas.

Os dados de pol % cana, Brix % cana e fibra % cana, valores utilizados para cálculo do ATR, foram determinados de acordo com STURION e FERNANDES (1979). A pureza ou percentagem de sacarose (pol), contida nos sólidos solúveis (Brix), foi calculada pela divisão entre a pol % cana e o Brix % cana, multiplicada por 100.

Os cálculos para determinação do açúcar teórico recuperável (ATR), em quilogramas de açúcar por toneladas de colmos, foram realizados segundo a fórmula de STURION e FERNANDES (1975):

$$ATR = (10 \cdot S - 0,76 \cdot F - 6,9) (5/3 - 200/3P)$$

onde:

S = pol % cana

F = fibra % cana

P = pureza do caldo

C. Dados de produtividade

Os dados de produtividade foram obtidos a partir de um conjunto de informações, a saber: peso de colmos e açúcar teórico recuperável, que engloba uma série de

valores. A partir destas informações, foram gerados os dados de toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de açúcar por hectare (TAH).

1. *peso de colmos* - as parcelas foram pesadas, individualmente, com auxílio de um dinamômetro, que fornece o peso em quilograma.
2. *produtividade de açúcar* - a produção de colmos estimada em toneladas de cana por hectare (TCH), que, multiplicada pelo rendimento provável em açúcar teórico recuperável (ATR), forneceu o peso de açúcar produzido. Este valor, dividido pela área de cultivo, resultou na produtividade de açúcar medida em toneladas de açúcar por hectare (TAH).

3.2.2.1.2. Análise estatística

Realizou-se a análise da variância dos dados de número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e produtividade de açúcar em toneladas de açúcar por hectare (TAH). A partir dos dados de cana-planta dos 30 tratamentos envolvidos, sendo 13 genitores e 17 progênies correspondentes, foram levantados dados de três repetições de um experimento em blocos casualizados. Para uma avaliação mais efetiva, a fonte de variação de

tratamentos foi desdobrada em genitores (G), com 12 graus de liberdade, progênies (P), com 16 graus de liberdade e o contraste dos genitores (G) *versus* progênies (P), com um grau de liberdade (tabela III). De acordo com a magnitude do quadrado médio de G *versus* P, estudou-se cada característica para verificar a diferença entre o comportamento médio desses dois grupos de materiais. Para tanto, estabeleceu-se a comparação de médias entre os grupos de genitores e progênies, caracterizando o percentual relativo das progênies em relação aos genitores.

Tabela III. Esquema de análise da variância dos dados com desdobramento dos graus de liberdade de tratamentos.

Fonte de variação	GL
Blocos	2
Tratamentos	29
Genitores (G)	12
Progênies (P)	16
G vs P	01
Resíduo	58
Total	89

Posteriormente, processou-se o desdobramento dos graus de liberdade dos tratamentos, visando a explorar o desempenho de 11 progênies em relação a seus respectivos genitores maternos, ressaltando que esta avaliação só foi

possível para o total de genitores maternos participantes deste experimento, conforme tabela IV.

Tabela IV. Quadro parcial da análise da variância de cana-planta e cana-soca, com desdobramento dos graus de liberdade de tratamentos, para avaliação de outros contrastes de genitores maternos *versus* as progênies respectivas.

Fonte de Variação			GL
Tratamentos			29
Genitores			
G ₁	VS	P ₁₀	1
G ₆	VS	P ₁₄	1
G ₈	VS	P ₆	1
G ₉	VS	P ₁	1
G ₁₁	VS	P ₁₃	1
G ₁₂	VS	P ₁₅	1
G ₁₃	VS	P ₁₆	1
G ₂	VS	P _{3,5,7,17}	1
Outros contrastes			21
Tratamentos			29
Resíduo			58
Total			89

Para caracterizar a variabilidade disponível entre os grupos de genitores e progênies, determinou-se a herdabilidade no sentido amplo, para a unidade mínima (parcela), e para a média das três repetições do experimento, conforme VENCOVSKY (1978).

A avaliação do estágio de seleção que promoveu maior exploração do material genético realizou-se através da análise conjunta dos dados de cana-planta e cana-soca, de acordo com o delineamento estatístico de parcelas subdivididas no tempo, considerando os dados de planta e soca como subparcelas no tempo. Processou-se esta análise, conforme descrição dada por STEEL e TORRIE (1960), que isola o efeito de blocos por corte ($B \times C$), tornando o erro b melhor estimado (tabela V).

Tabela V. Quadro de análise da variância dos dados de cana-planta e cana-soca, através de parcelas subdivididas no tempo, conforme STEEL e TORRIE (1960).

Fonte de Variação	GL
Bloco (B)	2
Tratamentos (T)	29
Ea	58
Corte (C)	1
T x C	29
B x C	2
Eb	58
Total	179

Para um detalhamento da porção genética existente entre as progênies, os dados de cana-planta mais soca referentes a estes materiais também foram analisados

isoladamente, segundo o delineamento de parcelas subdivididas no tempo (STEEL e TORRIE, 1960). Através da esperança dos quadrados médios, determinaram-se os componentes da variância para cada fonte de variação, conforme tabela VI.

Tabela VI. Análise da variância dos dados de progênie de cana-planta mais soca, através do delineamento de parcelas subdivididas no tempo (STEEL e TORRIE, 1960).

F. de Variação	GL	QM	E(QM)
Blocos (B)	2	Q_1	
Progênie (P)	16	Q_2	$\sigma_{\theta_b}^2 + 2\sigma_{\theta_o}^2 + 6\sigma_p^2$
Ea	32	Q_3	$\sigma_{\theta_b}^2 + 2\sigma_{\theta_o}^2$
Corte (C)	1	Q_4	$\sigma_{\theta_b}^2 + 60\sigma_{bc}^2 + 6\sigma_{pc}^2 + 90\sigma_c^2$
P x C	16	Q_5	$\sigma_{\theta_b}^2 + 6\sigma_{pc}^2$
B x C	2	Q_6	$\sigma_{\theta_b}^2 + 60\sigma_{bc}^2$
Eb	32	Q_7	$\sigma_{\theta_b}^2$
Total	101		

Tomando-se os quadrados médios referentes aos efeitos de progênies em cana-planta e em cana-soca, foi possível, através da esperança dos quadrados médios, delinear os componentes genéticos apontados na tabela VII.

Tabela VII. Dados referentes aos efeitos de progênies em cana-planta e cana-soca, com a correspondente esperança dos quadrados médios.

F. de Variação	GL	QM	E(QM)
Progênies/Cana-planta (1)	16	Q_8	$\sigma_b^2 + \sigma_{e_0}^2 + 3\sigma_{p_0}^2 + 3\sigma_{p_1}^2$
Progênies/Cana-soca (2)	16	Q_9	$\sigma_b^2 + \sigma_{e_0}^2 + 3\sigma_{p_0}^2 + 3\sigma_{p_2}^2$

Com base nos componentes genéticos estimados através da esperança dos quadrados médios, processou-se o cálculo do ganho na seleção de um estágio em relação ao outro e a correlação entre os dois estádios. O ganho na seleção foi definido para seleção no primeiro corte (cana-planta) e o reflexo no segundo corte (cana-soca) e para seleção no segundo corte e o reflexo no primeiro corte, bem como, a correlação entre primeiro e segundo corte. A determinação deste parâmetro considerou uma intensidade de seleção de 10%, utilizando o índice K, tabelado por FISHER e YATES (1943),

para amostras maiores que 50 indivíduos. O índice K é definido como sendo o diferencial de seleção medido em unidades do desvio padrão (FALCONER, 1964).

Para tanto, foram determinados os seguintes parâmetros:

A. Ganho indireto pela seleção no primeiro corte sobre o segundo corte ($G_{s1,2}$), considerando K para 10% de intensidade de seleção, segundo FISHER e YATES, 1943

$$G_{s1,2} = K \frac{[\sigma_p^2 - \sigma_{pc}^2]}{\sqrt{Q_8 / 3}}$$

B. Ganho indireto pela seleção no segundo corte sobre o primeiro corte ($G_{s2,1}$), considerando K para 10% de intensidade de seleção, segundo FISHER e YATES, 1943

$$G_{s2,1} = K \frac{[\sigma_p^2 - \sigma_{pc}^2]}{\sqrt{Q_9 / 3}}$$

C. Correlação entre o primeiro e segundo corte ($r_{1,2}$)

$$r_{1,2} = \frac{\sigma_p^2 - \sigma_{pc}^2}{\sqrt{(Q_8 / 3) (Q_9 / 3)}}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O melhoramento genético de plantas concentra esforços na obtenção de combinações favoráveis que se traduzam em materiais de maior produtividade e adaptação. Considerando-se que os métodos de melhoramento exploram a variabilidade genética, os programas de melhoramento devem contar com populações que agreguem suficiente potencial genético. O método adotado pelo programa de melhoramento da Copersucar, à semelhança dos demais programas em desenvolvimento no mundo, explora a variabilidade gerada a partir de cruzamentos biparentais (reunião de dois genitores), ou policruzamentos (reunião de vários genitores preservando apenas o controle materno) - (DEOTTI et alii, 1984). Isto ocorre a nível de geração F_1 (descendência de um híbrido intervarietal), visando explorar a heterose obtida a partir da reunião de genitores com caracteres diversos, explorando principalmente a variância dominante oriunda deste

processo. Este método é favorecido pela reprodução vegetativa, que garante a preservação do material selecionado; encontrando-se uma combinação favorável, esta pode ser perpetuada. Tal metodologia foi adotada para obtenção dos primeiros híbridos de cana-de-açúcar (STEVENSON, 1965) e é adotada hoje pelos 25 programas de melhoramento de cana-de-açúcar em desenvolvimento no mundo (SIMMONDS, 1979). O fato de se estabelecer um programa de melhoramento que se estabiliza na geração F_1 e a utilização frequente de genitores aparentados leva os autores STOKES e TYSDAL (1962), TAI e MILLER (1978), POMMER e BASTOS (1984) e PEIXOTO et alii (1984) a afirmarem que tal procedimento promove grande parentesco entre os descendentes e, conseqüentemente, uma grande restrição na base genética.

Dentro deste panorama, o presente trabalho levantou dados para caracterizar o potencial genético existente nas progênies geradas pelos cruzamentos biparentais (os mais frequentemente utilizados) em relação ao potencial existente nos genitores envolvidos, visando a avaliar a metodologia adotada na totalidade dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar. A seguir, são apresentados os resultados, caracterizando cana-planta e cana-soca com os dados de número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha.

Os dados de cana-planta mais soca foram também avaliados, no entanto, com intuito de definir qual estágio de avaliação promove maior exploração do material genético.

4.1. Avaliação da variabilidade genética existente entre genitores e progênes

4.1.1. Constituição genética dos genitores e progênes

O cálculo do coeficiente de parentesco de MALECOT (1969), conforme detalhamento descrito por FALCONER (1964) e KEMPTHORNE (1973), caracterizou a constituição genética dos genitores (tabela 1), assim como das progênes geradas (tabela 2), delineando a presença de uma base genética bastante restrita, confirmando as considerações de STOKES e TYSDAL (1962), TAI e MILLER (1978), POMMER e BASTOS (1984) e PEIXOTO et alii (1984). A semelhança das genealogias dos genitores conferiram progênes de constituição genética próxima, intensificando a endogamia.

Comparando-se a contribuição genética dos genitores envolvidos, denota-se uma pronunciada participação

dos ancestrais B, C, D, E, F, G e K (conforme simbolização), o mesmo ocorrendo para as progênes obtidas do intercruzamento desses genitores. Analisando-se individualmente a contribuição genética de cada ancestral, verificou-se que o ancestral F, correspondente a variedade EK-28, participou com 16,64% na constituição genética de todas as progênes avaliadas neste trabalho (tabela 3). Outros ancestrais em evidência tiveram uma contribuição em torno de 5% em todas as progênes consideradas; os demais ocorreram com participações inexpressivas. Estes dados demonstram a constituição genética bastante próxima dos genitores e progênes, limitando a exploração de variabilidade genética positiva pelo melhoramento.

Registrou-se um dado de contribuição genética relativa de 37,66% em todas progênes, referente ao ancestral desconhecido, pelo fato de parte dos genitores envolvidos na genealogia ancestral originar-se de policruzamentos, onde o genitor masculino é desconhecido. No entanto, a grande semelhança entre as genealogias consideradas sugere que a contribuição genética do ancestral desconhecido envolve participações ponderáveis dos ancestrais identificados.

4.1.2. Análise da variância dos dados de cana-planta, comparação de médias, variabilidade disponível

A análise da variância dos dados de cana-planta, para número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável em kg/t e toneladas de açúcar por hectare em t/ha, encontra-se anotada na tabela 4. A discussão dos resultados será feita independente, por característica.

4.1.2.1. Número de colmos

Número de colmos por touceira é um fator relevante na seleção para aumento da produtividade de cana-de-açúcar, apresentando resposta correlacionada significativa, além de ser um caráter de fácil observação e seleção (PEIXOTO e BURNQUIST, 1984). Neste trabalho, foram levantados os dados de número de colmos por parcela, e estes dados encontram-se analisados na tabela 4.

A análise de variância para os dados de número de colmos apresentou diferença significativa, a nível de 1% de probabilidade para o teste de F, para genitores (G) e progênies (P), o que demonstra a existência de diversidade tanto entre os genitores como entre as progênies. O teste de F para a fonte de variação G *versus* P também foi

significativo, a nível de 1%, demonstrando a existência de diversificação entre os dois grupos de tratamentos. A média para este caráter, tomando-se por base a parcela, foi de 513,14 colmos; o coeficiente de variação foi de 7,9%, considerado bom, de acordo com os padrões de experimentação de cana-de-açúcar.

Avaliando-se o quadrado médio, observa-se que o nível de variância para genitores e progênies é aproximado, indicando uma diversidade levemente superior entre os genitores. No entanto, como o contraste G *versus* P foi significativo a nível de 1% de probabilidade para o teste de F, anotou-se na tabela 5 a comparação de médias para estas duas fontes de variação. O percentual relativo das progênies, em relação aos genitores para este caráter, apresentou uma superioridade de 4% para progênies. Isto significa que a seleção para número de colmos no material em estudo seria positiva, no entanto, com mínima possibilidade de sucesso, haja vista a pequena diferença de variância entre genitores e progênies.

Conforme esclarecimento em tópico anterior, dos cruzamentos biparentais, que fazem parte deste estudo, apenas foi possível reunir os genitores maternos de 11 cruzamentos. Os contrastes individuais foram realizados com o

objetivo de estudar, a nível de cruzamento, o potencial da variação genética existente entre genitores e progênes.

Os dados referentes à característica número de colmos, com a descrição de genitores *versus* progênes, encontram-se na tabela 6. Neste caso, analisando individualmente cada efeito de G vs P, não se observou para nenhum dos cruzamentos em estudo diferença significativa para o teste de F. As médias de número de colmos encontram-se ao lado dos referidos genitores e progênes, sendo importante para quantificar o grau de diversificação, mesmo que este não seja significativo. Portanto, apesar de se ter no conjunto um percentual de 4% positivo, isto não é facilmente alcançado na avaliação individual por progênie.

Os dados de herdabilidade no sentido amplo, para unidade mínima (parcela), e na média das três repetições do experimento, para o caráter em questão, encontram-se na tabela 7. Verificou-se uma disponibilidade de variabilidade ligeiramente menor nas progênes. Considerando a avaliação por parcela como unidade mínima, encontrou-se uma herdabilidade de 0,360 para genitores e 0,320 para progênes, situando-se entre os valores de 0,27 e 0,47 encontrado por MARIOTTI (1971) e GEORGE (1962). Estes dados apontam 11% a menos de variabilidade disponível no material a ser selecionado em relação aos genitores envolvidos. Tomando-se

por base a herdabilidade para a média das três repetições, encontrou-se 0,628 para genitores e 0,586 para progênes, portanto, com menos 6,7% de variabilidade disponível, entre o material a ser selecionado em relação aos genitores. A variabilidade expressa para este caráter é, de certa forma, baixa e concorda com a herdabilidade no sentido amplo registrada por SINGH et alii (1981) de 0,347.

4.1.2.2. Peso de colmos

Das características observadas, peso de colmos retrata diretamente o potencial produtivo da cana-de-açúcar, sendo um caráter fundamental na direção de um programa de melhoramento, quando associado a elevados teores de açúcar. Neste trabalho, foram anotados os dados referentes ao peso de colmos em kg, por parcela dos tratamentos envolvidos.

Na tabela 4, apresentam-se os dados referentes à análise da variância de peso de colmos, indicando a média de 767,64 kg para o experimento e um coeficiente de variação de 10,1%, estando dentro dos padrões de experimentação com cana-de-açúcar. Para as fontes de variação genitores e progênes, o teste de F mostrou-se significativo a nível de 1% de probabilidade, indicando a existência de diversidade genética entre os materiais envolvidos. O mesmo ocorreu com o

contraste G *versus* P, que apresentou significância de 1%, demonstrando a existência de diferença entre os dois grupos de materiais considerados.

Uma análise do quadrado médio demonstra que o nível de variância para genitores é mais que duas vezes superior ao nível de variância encontrado para as progênes, indicando uma diversidade genética maior entre os genitores. Considerando-se que a avaliação de G *versus* P foi significativa, anotou-se na tabela 5 a comparação de médias para os dois conjuntos de materiais genéticos, para identificar a tendência desta variância. Os dados médios de peso de colmos (kg) para genitores foi bastante superior. Calculando-se o percentual relativo das progênes em relação aos genitores, encontrou-se um percentual de - 22,18%, um dado negativo que limita muito as chances de se conseguir algum material superior aos genitores. Uma pequena depressão em relação aos dados médios de progênes e genitores é esperada; no entanto, um valor de depressão tão alto indica a inexistência de variabilidade positiva a ser explorada, ou mesmo, que a frequência de genes favoráveis para esta característica encontra-se em níveis muito baixos, o que limita o aparecimento de indivíduos transgressivos aos pais. Este dado pode ser explicado pelo fato de a genealogia dos genitores ser muito próxima (PEIXOTO et alii, 1984), mas

também pelo fato de que a associação de dois genitores híbridos promove uma descendência degenerada.

O desdobramento dos tratamentos, contrastando genitores maternos e suas progênes correspondentes (tabela 8), confirmou os resultados encontrados na análise conjunta geral, apontando quase que todos os contrastes como significativos a nível de 1% de probabilidade para o teste de F, com médias de peso de colmos bastante inferiores para as progênes.

Com o objetivo de corroborar os dados acima, foi caracterizada a variabilidade disponível entre genitores e progênes, determinando-se a herdabilidade no sentido amplo, para unidade mínima (parcela), e na média das três repetições do experimento (tabela 7). Os dados de herdabilidade no sentido amplo encontrados são compatíveis com a depressão registrada, uma vez que, considerando-se a parcela como unidade mínima, a herdabilidade de peso de colmos para progênes foi 49,5% menor. Na média das três repetições, a herdabilidade para peso de colmos também foi bastante inferior, apresentando 29,7% a menos de variabilidade disponível.

4.1.2.3. Açúcar teórico recuperável

A característica açúcar teórico recuperável define o conteúdo de açúcar armazenado nos colmos de cana-de-açúcar. É uma característica que avalia a qualidade do material, o que inclui número e peso de colmos produzidos por um material. A análise da variância dos dados obtidos encontra-se na tabela 4, na qual foi anotado o dado médio de ATR para o experimento (124,71 kg/t) e o coeficiente de variação (4,0%). Para as fontes de variação genitores e progênies, o teste de F mostrou-se significativo a nível de 1% de probabilidade, apontando a existência de diversidade genética entre os materiais envolvidos. O contraste G *versus* P também apresentou significância a nível de 1%, demonstrando a existência de diversidade entre os dois conjuntos de tratamentos considerados.

O quadrado médio aponta uma variância entre genitores mais que três vezes superior ao nível de variância encontrada para as progênies, indicando uma diversidade genética maior entre os genitores. Uma vez que o contraste G *versus* P foi significativo, anotou-se na tabela 5 a comparação de média destas duas fontes de variação. O dado médio de açúcar teórico recuperável (ATR) para genitores foi superior ao encontrado para progênies. Calculando-se o percentual relativo das progênies em relação aos genitores,

encontrou-se - 4%. Isto significa que a seleção para açúcar teórico recuperável terá pouca possibilidade de promover materiais superiores aos genitores. Não entanto, convém lembrar que se tratando de média de progênes esta depressão de 4% é, de certa forma, esperada, pois a média das progênes é gerada a partir de indivíduos de genótipos diferentes, o que não ocorre com os genitores oriundos de reprodução vegetativa, mas, por outro lado, a associação de indivíduos híbridos promove, na descendência, uma depressão genética.

O desdobramento dos tratamentos, contrastando com os genitores maternos e suas progênes correspondentes (tabela 9), conduziu a resultados contraditórios, pois foram significativos a nível de 1% para o teste de F, ora devidos à superioridade da média dos genitores, ora à superioridade da média das progênes e, na sua maioria, não apresentando diferença significativa.

Os valores da tabela 7, referentes à herdabilidade no sentido amplo, elucidam em parte esta colocação divergente, pois os valores de variabilidade disponível para progênes foram de 0,518 em relação a 0,816, referentes à unidade de parcela. Estes dados indicam 36% a menos de variabilidade disponível entre as progênes em relação aos genitores. Considerando as três repetições do experimento, a herdabilidade no sentido amplo para genitores

foi 0,930, considerada alta, e de 0,763 para progênies, herdabilidade moderada, mesmo assim, indicando 17% a menos de variabilidade disponível no material a ser selecionado.

4.1.2.4. Toneladas de açúcar por hectare

O caráter toneladas de açúcar por hectare (TAH) é a somatória dos efeitos de número, peso e conteúdo de açúcar no colmo, sendo, portanto, um caráter abrangente e bastante significativo na avaliação do potencial genético de materiais de cana-de-açúcar. A tabela 4 apresenta a análise da variância dos dados, com média de experimento de 13,77 toneladas de açúcar por hectare e coeficiente de variação de 11,9%. O teste de F mostrou-se significativo para genitores e para o contraste G *versus* P, o mesmo não ocorrendo para progênies. Isto indica que existe divergência genética entre os grupos de genitores e progênies; no entanto, entre as progênies não se detectou diferença significativa.

Analisando-se o quadrado médio, observou-se que o nível da variância dos genitores é também mais que três vezes superior à variância encontrada entre as progênies, indicando uma diversidade genética maior entre os genitores. Considerando a significância a 1%, do contraste G *versus* P, anotou-se, na tabela 5, a comparação das médias para estes

dois conjuntos de materiais genéticos, o que quantificou a variância encontrada. Observou-se que os dados médios de toneladas de açúcar por hectare para genitores foi superior ao dado médio de progênes. Uma análise relativa de progênes em relação a genitores demonstrou um percentual - 27,89%, caracterizando a ocorrência de depressão, que limita ou mesmo elimina a oportunidade de se obter algum material superior aos genitores. Uma depressão tão alta indica a inexistência de variabilidade positiva a ser explorada, demonstrando que a frequência de genes favoráveis para esta característica complexa está em níveis muito baixos, o que limita o sucesso na seleção. Da mesma forma, este fato pode ser explicado pela genealogia dos genitores ser muito correlata, conduzindo a uma grave restrição no material genético de seleção (PEIXOTO et alii, 1984), e também pela metodologia de melhoramento seguida, associar em cruzamentos indivíduos heterozigotos.

Desdobrando-se os tratamentos para avaliar o contraste de genitores maternos e suas progênes (tabela 10), foi possível a confirmação das considerações anteriores, pois o contraste foi significativo para a maioria dos conjuntos envolvidos, para o teste de F. Observando-se os dados médios, constatou-se a superioridade produtiva dos genitores.

Avaliando-se a variabilidade disponível, através da determinação da herdabilidade no sentido amplo, confirmaram-se os dados anteriormente discutidos (tabela 7). A herdabilidade, considerando-se a parcela como unidade, foi de 0,553 para genitores e 0,102 para progênes, ou seja, a variabilidade disponível entre progênes é um quinto da existente entre os genitores. Estes dados são compatíveis com a depressão encontrada, indicando que o inter cruzamento de genitores aparentados deu origem a progênes muito próximas, com conseqüente restrição da base genética. Os dados de herdabilidade referentes às três repetições do ensaio, também acusaram uma herdabilidade média de genitores três vezes superior à herdabilidade média de progênes.

4.1.3. Análise da variância dos dados de cana-soca, comparação de médias, variabilidade disponível

Após a caracterização da variação genética entre genitores e progênes com dados de cana-planta, é fundamental que a mesma sequência de avaliação seja repetida na cana-soca, pois um relato consistente sobre o potencial genético de um material semiperene implica na repetibilidade das expressões dos caracteres de interesse agrônomo, através das socas. Segundo LADD et alii (1974), a superioridade, no estágio de cana-planta de alguns

caracteres, tais como colmos por parcela, diâmetro de colmo, comprimento de colmo e Brix, pode não fornecer uma informação confiável do potencial de produção em escala comercial devido à sua não repetibilidade, o que pode ser devido a influências ambientais, ou mesmo da capacidade de expressão do próprio genótipo num segundo corte.

Assim, da mesma forma que para cana-planta, analisou-se a variância dos dados dos caracteres em estudo no presente trabalho. De acordo com a magnitude do contraste de *G versus P*, analisou-se cada característica para se determinar os fatores que tiveram maior atuação. Dados de variabilidade disponível também foram levantados, buscando melhor delinear o potencial genético explorável, através da metodologia de melhoramento seguida para cana-de-açúcar.

Os dados referentes à análise da variância dos dados de número de colmos, peso de colmos, açúcar teórico recuperável e toneladas de açúcar por hectare encontram-se descritos na tabela 11. A discussão dos resultados será feita independentemente por característica.

4.1.3.1. Número de colmos

A avaliação do número de colmos em cana-soca torna-se fundamental por ser uma variável determinante na produção. A análise da variância dos dados de número de colmos, obtidos em cana-soca, encontram-se na tabela 11. De acordo com a análise, a média do experimento foi de 526,17 colmos/parcela, com um coeficiente de variação de 8,5%, considerado bom para os padrões de experimentação com cana-de-açúcar. Os dados do teste de F para genitores e progênies foi altamente significativo, a nível de 1% de probabilidade, o mesmo ocorrendo com o contraste genitores (G) *versus* progênies (P), demonstrando que os grupos de tratamentos são diferentes.

Para esse caráter, o quadrado médio indicou uma variância de progênies 45% superior à variância encontrada para genitores, demonstrando que a diversidade genética entre progênies é bastante ampla em relação aos genitores. Essa diferença de diversidade é bem caracterizada pelo contraste G *versus* P, significativo a 1% para o teste de F.

Através da análise da média das progênies em relação à média dos genitores (tabela 12), caracterizou-se uma superioridade de 8,7% para progênies, indicando a

presença de variabilidade positiva para a seleção. Analisando-se 11 progênies frente aos respectivos genitores maternos (tabela 13), não se detectou diferença significativa para esta interação individual, o que sugere que, apesar de se ter no conjunto um percentual de 8,7%, isto não é facilmente alcançado na seleção individual por progênie.

Apesar disto, a caracterização de variabilidade disponível, através da determinação de herdabilidade ampla (tabela 7), foi de 0,554 para progênies, enquanto que, para genitores, encontrou-se 0,350, corroborando de certa forma o dado encontrado pela comparação de médias de progênies em relação a genitores, demonstrando a possibilidade de progresso na seleção para número de colmos na descendência.

4.1.3.2. Peso de colmos

A análise da variância dos dados de peso de colmos em kg (tabela 11) indicou, para o teste de F, significância a nível de 1% para genitores; no entanto, não houve diferença significativa entre as progênies, embora o contraste G *versus* P tenha apontado diferença para os dois grupos de tratamentos avaliados. A média do ensaio para este caráter foi de 510,62 kg/parcela e o coeficiente de variação

de 9,8%, encontrando-se dentro dos padrões de experimentação com cana-de-açúcar.

Analisando-se o quadrado médio, encontrou-se uma variância três vezes superior entre os genitores em relação às progênes, detectando-se elevada variância para o contraste. Considerando-se este fato, na tabela 5, encontram-se anotados os dados de comparação de médias para estes dois conjuntos de materiais genéticos. Detectou-se que os dados médios de peso de colmos por parcela de genitores foi bastante superior aos encontrados para progênes, apontando um percentual para progênes em relação aos genitores de - 31,95%, depressão significativa, pois limita, ou mesmo torna mínima a oportunidade de se selecionar materiais superiores aos genitores (tabela 12). A caracterização de inexistência de variabilidade explorável para peso de colmos, também na cana-soca, indica um potencial genético negativo, limitando o progresso genético na seleção. Este fato pode ser novamente associado à existência de uma base genética restrita e à metodologia seguida, que limita a ampliação de variabilidade, principalmente tratando-se de progênes de geração F_1 (PEIXOTO, 1981).

A tabela 14 apresenta os dados referentes ao contraste dos genitores maternos envolvidos neste estudo e suas respectivas progênes. Considerando-se as médias,

detectou-se superioridade de todos os genitores em relação às progênes, embora o teste de F apenas se mostrou significativo a nível de 1% de probabilidade para nove progênes.

Os dados de herdabilidade no sentido amplo (tabela 7) indicaram para genitores 0,590 e para progênes 0,194. Comparando-se estes dados, verifica-se que existe maior diversidade genética entre genitores do que entre progênes, o que corrobora as afirmações anteriores, principalmente, quando comparadas com cana-planta. Este fato é também explicado pela associação de genitores heterozigotos na geração de descendência para seleção.

4.1.3.3. Açúcar teórico recuperável

A característica açúcar teórico recuperável assume também, na cana-soca, um papel preponderante na determinação de qualidade inserida no número e peso de colmos produzidos por um determinado material. Análise dos dados de açúcar teórico recuperável obtidos encontra-se na tabela 11, indicando a média de 107,96 quilogramas de açúcar por tonelada de cana com um coeficiente de variação de 6,1%, que está dentro dos padrões de experimentação com cana-de-açúcar. Desdobrando-se os tratamentos, a análise apontou diferença

significativa entre genitores e progênies, a nível de 1%, para o teste de F. Existe também diferença significativa para estes dois grupos de tratamentos, uma vez que o teste de F para o contraste também foi significativo a 1% de probabilidade. Analisando-se o quadrado médio, percebe-se que o nível de variância entre genitores é da ordem de seis vezes a variância encontrada para as progênies, indicando uma maior diversidade genética entre genitores.

No entanto, os dados de comparação de média (tabela 12), que visam traçar a tendência desta variação mais ampla, apontaram uma média de progênies apenas 3,4% menor que a média de genitores, indicando que a grande diversidade entre genitores não estava totalmente associada às médias superiores. Este fato ficou confirmado ao se avaliar individualmente 11 progênies em relação a seus respectivos genitores maternos, onde quatro das progênies consideradas não apresentaram diferença significativa; apenas tiveram teor de sacarose superiores aos genitores (tabela 5).

Analisando-se a variabilidade disponível, através da determinação de herdabilidade no sentido amplo, encontrou-se 0,903 para genitores e uma herdabilidade bem menor para progênies, de 0,542 (tabela 7). Avaliando a herdabilidade ampla para o caráter teor de sacarose, os autores BROWN (1965), MARIOTTI (1973) apud ZACARIAS (1977), e

KAIRWAL e BABU (1976) também encontraram dado semelhante ao obtido neste trabalho; já o dado obtido por KANG et alii (1983) foi de 0,91, que se aproxima da herdabilidade aqui encontrada para genitores.

4.1.3.4. Toneladas de açúcar por hectare

Sendo uma característica de fundamental importância na seleção de materiais superiores, os dados de toneladas de açúcar por hectare encontram-se analisados na tabela 11. Neste experimento, encontrou-se a média de 11,65 toneladas de açúcar por hectare, com coeficiente de variação de 11,7%.

Considerando os dois grupos de tratamentos, encontrou-se diferença significativa a 1% entre genitores e de 5% entre progênes, com contraste entre os dois grupos, significativo a 1% de probabilidade. Avaliando-se o quadrado médio para verificar a grandeza de variâncias dos genitores e progênes, detectou-se a existência de variância entre os genitores quatro vezes superior às progênes correspondentes.

O percentual relativo das progênes em relação aos genitores (tabela 12) indicou um valor de - 20,66% das progênes em relação aos genitores. Esta depressão encontrada

numa característica de fundamental importância para a obtenção de materiais superiores denota a inexistência de diversidade genética positiva para que haja progresso na seleção. Mais uma vez, pode-se admitir que a genealogia próxima dos genitores ficou caracterizada pela descendência e que a associação em cruzamento de indivíduos heteróticos é ineficiente para gerar variabilidade positiva.

Desdobrando-se os graus de liberdade de tratamentos nos contraste dos genitores maternos inseridos neste trabalho e suas respectivas progênes, os dados confirmaram as considerações feitas anteriormente (tabela 16), apontando superioridade significativa a nível de 1% para o teste de F, para os genitores considerados.

A tabela 7 apresenta a variabilidade disponível entre genitores e progênes, determinada a partir de herdabilidade ampla. Notou-se, mais uma vez, a coerência dos resultados, que apontou uma herdabilidade de 0,301 para progênes e de 0,766 para genitores. Verifica-se, portanto, a existência de maior variabilidade explorável entre o grupo de genitores, clones já estabelecidos, do que entre o grupo de progênes (material de seleção), o que sugere que a metodologia seguida, para promover variabilidade na descendência, foi ineficiente.

4.1.4. Discussão da variabilidade genética gerada pelos genitores, a partir da metodologia de melhoramento tradicional

As perspectivas de um programa de melhoramento dependem não só do potencial de variabilidade genética como também da metodologia adotada para exploração racional deste potencial. A obtenção de variedades de cana-de-açúcar altamente produtivas depende da identificação e caracterização dos genitores e, em seguida, dos cruzamentos que darão origem a progênies superiores.

Neste trabalho, traçou-se um estudo sobre a porção da base genética com a qual se trabalha, através da quantificação do potencial de variabilidade explorável existente nos cruzamentos biparentais considerados. A caracterização deste potencial consistiu em determinar-se a média, a variância e a herdabilidade no sentido amplo para os componentes de produção de açúcar dos genitores e suas correspondentes progênies. Trabalho semelhante foi desenvolvido por WU et alii (1978), que, avaliando cruzamentos biparentais, também tomaram por base 100 indivíduos por progênie, apesar de estes mesmos autores terem considerado que, em cana-de-açúcar, 40 indivíduos constituem o tamanho mínimo de amostra requerida para estimar a média e a variância dos caracteres Brix, número de colmos, diâmetro e

comprimento de colmos. As determinações de POLLOCK (1980) admitem 70 indivíduos, enquanto que MARIOTTI et alii (1981) assume que 20 a 30 genótipos são suficientes.

O estabelecimento do presente trabalho deu-se em fevereiro de 1982, contando com três repetições de parcelas com 100 indivíduos. As progênies formadas de "seedlings" e os genitores de gemas individualizadas, traçando parâmetros comparativos entre progênies e genitores. Com avaliações em cana-planta e cana-soca, a igualdade de condições seria alcançada na avaliação de soqueira, porque todos os materiais seriam originários de brotação de gemas; no entanto, de acordo com os dados obtidos em cana-planta para os caracteres número de colmos, peso de colmos, açúcar teórico recuperável e toneladas de açúcar por hectare, estes foram corroborados pelos dados obtidos em cana-soca. O trabalho de PEIXOTO e RICCI, posteriormente publicado em 1984, concluiu estudo abrangente sobre o tamanho da amostra mínima para caracterizar a expressão da variabilidade, através da determinação da média, variância fenotípica, variância genética, variância aditiva e herdabilidade no sentido restrito. Os caracteres peso de colmos, açúcar teórico recuperável e toneladas de açúcar por hectare encontram na amostra mínima adotada neste trabalho, o respaldo do estudo realizado por PEIXOTO e RICCI (1984). No entanto, a amostra mínima definida por estes autores, para

número de colmos, foi de 150 indivíduos para a expressão da variabilidade.

Diante destas considerações, pode-se admitir que os dados obtidos a partir da amostra mínima considerada e o número de repetições avaliadas devem ser consistentes para caracterizar o potencial de variabilidade a ser explorada nas progênies F_1 geradas, em comparação com o potencial expresso pelos genitores.

Avaliando os estádios de cana-planta e cana-soca individualmente e, considerando caráter por caráter, percebeu-se que o padrão de variabilidade foi o mesmo, não havendo disparidade das informações, quando tomadas por estádio. Esta evidência demonstra que as normas admitidas para dar condições de igualdade na avaliação do potencial genético de genitores e progênies foram compatíveis. Este fato, associado aos coeficientes de variação encontrados (4 a 11,9%), permite assumir que o experimento apresentou uma boa eficiência, de acordo com os padrões de experimentação em cana-de-açúcar.

Para descrever a expressão de variabilidade, encontrada nas progênies, determinou-se a herdabilidade em cana-planta e em cana-soca e, para caracterizar a magnitude deste fator, relacionaram-se os dados médios de progênies com

os dados médios de genitores. Assim, observou-se que em progênies o dado de herdabilidade no sentido amplo, para número de colmos, aumentou da cana-planta para a cana-soca, o que foi acompanhado de um percentual a mais de colmos nas progênies em relação aos genitores, sugerindo que a seleção em cana-soca exploraria melhor o potencial de variabilidade deste caráter. Contrariando a literatura (STEVENSON, 1965), este fato não se traduziu em maior peso de colmos nas progênies, pois a herdabilidade do peso em cana-soca foi bem inferior à encontrada em cana-planta. Também os dados médios de progênies em relação aos de genitores apontaram - 22,2% na cana-planta e - 31,95% na cana-soca, o que indica que, além da variabilidade disponível diminuir, o nível médio em que ela ocorre é baixo, limitando sensivelmente as possibilidades de seleção de material igual ou superior aos genitores. Uma explicação para isto pode ser dada pelo fato de os genitores serem indivíduos heterozigóticos (híbridos) e também aparentados, uma vez que o maior número de colmos não associado a maior peso caracteriza uma degeneração fisiológica.

Avaliando-se a variabilidade disponível para açúcar teórico recuperável, encontrou-se herdabilidade semelhante para cana-planta e cana-soca, o que foi corroborado pelo dado relativo da média das progênies em relação aos genitores, de - 4,5% e - 3,4% respectivamente.

Para esta característica, a depressão encontrada aponta menor possibilidade de se encontrar materiais superiores entre os descendentes; no entanto, não chega a ser limitante. Já toneladas de açúcar por hectare, que envolve o potencial produtivo com o teor de sacarose, apontou um percentual comparativo das progênes em relação aos genitores de - 27,3% e - 20,7% para cana-planta e cana-soca. A magnitude de variabilidade disponível em progênes, apresentou dados compatíveis com esta relação, apontando para as progênes uma herdabilidade de 0,102 em cana-planta e 0,301 em cana-soca.

Para todos os caracteres avaliados, à medida que aumentou a variabilidade disponível, houve uma resposta positiva e vice-versa. Este fato demonstra a sensibilidade do coeficiente de herdabilidade em quantificar o potencial genético explorável através de seleção, o que está de acordo com GARDNER (1963), que admite que as informações das análises estatísticas da variação dos dados quantitativos podem ser interpretadas geneticamente, possibilitando predições sobre as respostas à seleção artificial. Assim, a análise dos dados obtidos neste trabalho apontou informações consistentes sobre a restrição (insuficiência) do potencial genético gerado a partir da metodologia adotada no melhoramento de cana-de-açúcar, que se baseia no inter cruzamento de indivíduos híbridos (genitores), visando explorar heterose destes cruzamentos na geração F_1 . Isto

permite que se façam algumas considerações com relação aos fatos que conduziram a tal ocorrência.

A análise detalhada da genealogia dos genitores envolvidos aponta uma alta endogamia nas progênes, devido ao parentesco muito próximo. Assim, as descendências em média aproximam-se bastante, pois o parentesco é acentuado pelo cruzamento. Sendo a cana-de-açúcar uma planta alógama, cruzamentos aparentados provocam uma queda de vigor mais acentuada na descendência. Por outro lado, a simples associação em cruzamento de indivíduos híbridos (altamente heterozigotos), limita a exploração de materiais superiores na descendência.

Estas considerações sobre os resultados encontrados então de acordo com os trabalhos dos autores STOKES e TYSDALL (1962), TAI e MILLER (1978), POMMER e BASTOS (1984) e PEIXOTO et alii (1984), que, estudando a genealogia de variedades de cana-de-açúcar, de sigla Co, POJ, CP, IAC e SP, confirmam a genealogia bastante próxima, salientando a vulnerabilidade genética, a que está sujeita a maioria dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

O panorama traçado pelos dados levantados, bem como as considerações feitas, sugere uma reavaliação na metodologia adotada no melhoramento de cana-de-açúcar. Uma

tentativa de melhorar a exploração do potencial genético existente entre os genitores de um banco de germoplasma poderia ser obtida mediante o traçado da genealogia e o cálculo do coeficiente de parentesco de MALECOT (1969), procurando associar em cruzamento os indivíduos menos aparentados. No entanto, até mesmo esta tentativa é vulnerável por continuar associando indivíduos híbridos, além de desconsiderar a população efetiva.

Os resultados encontrados para caracterizar a variabilidade gerada pelo cruzamento de dois genitores heteróticos (híbridos) de planta alógama estão de acordo com o esperado. A ocorrência de depressão na descendência de dois indivíduos híbridos é fato bastante conhecido na literatura, principalmente, quando esta exploração ocorre a nível da geração F_1 . A existência de elevado grau de parentesco entre genitores envolvidos e a não representatividade de sua população de origem são fatores preponderantes como respaldo aos resultados encontrados.

A adoção de metodologia dinâmica de melhoramento, que promovesse uma população de base genética ampla, com assimilação de maior frequência de genes favoráveis ao longo dos ciclos de seleção, traria retornos bastante significativos para o melhoramento de cana-de-açúcar. A simples manutenção de uma população de genótipos

extremos de cana-de-açúcar, através do método de melhoramento de seleção recorrente, promoveria maior recombinação gênica, preservação da população efetiva e continuidade de progresso na seleção.

4.2. Avaliação do estágio de seleção que promove maior exploração do material genético

A análise dos dados dos estádios de cana-planta e cana-soca, considerados isoladamente, configuraram a inferioridade do potencial genético inserido no grupo de progênies em relação ao grupo de genitores. Apesar disto, para um estudo mais detalhado da metodologia de melhoramento da planta de cana-de-açúcar, foram traçados dados indicativos do estágio de desenvolvimento da planta que melhor explorou o potencial genético gerado por esta metodologia.

A repetibilidade dos caracteres através dos diferentes estádios da cultura da cana-de-açúcar é um dado fundamental para determinar o potencial de um material genético. LADD et alii (1974) ressaltam que a superioridade em cana-planta de alguns caracteres pode não fornecer uma informação confiável por não se repetirem nos demais estádios. Assim, o presente trabalho caracterizou o

desempenho dos materiais através dos dados de cana-planta mais soca, descrevendo com eles o potencial de variabilidade explorável. Convém lembrar que seria interessante contar com um número maior de cortes para que a repetibilidade configurasse, com maior consistência, este potencial.

A análise da variância dos dados de cana-planta mais cana-soca para os caracteres número de colmos, peso de colmos, açúcar teórico recuperável e toneladas de açúcar por hectare encontra-se na tabela 17. Esta análise indica diferença significativa entre tratamentos e cortes para todos caracteres, o que de certa forma era esperado. A ocorrência de diferença significativa para a interação do tratamento por corte demonstra a existência de comportamento diferenciado dos genótipos, quando avaliado em estádios diferentes, o que concorda com LADD et alii (1974), anteriormente citados.

Para uma melhor exploração do material genético, anotou-se na tabela 18, a análise dos dados de cana-planta mais cana-soca das progênies. Os resultados apontam diferença entre progênies a nível de 1% de probabilidade para teste de F, para os caracteres número de colmos e açúcar teórico recuperável, demonstrando maior diversidade genética para estes caracteres. Para toneladas de açúcar por hectare, detectou-se diferença significativa a

nível de 1%, enquanto que para peso de colmos não houve diferença entre as progênies.

Nesta análise, a fonte de variação tratamento por corte é o efeito que melhor caracteriza a existência de diferença na expressão genética de um material através dos estádios distintos. Examinando-se os efeitos desta interação para os caracteres em apreço, denota-se que apenas para toneladas de açúcar por hectare não foi possível se encontrar diferença significativa, e sim para os demais caracteres.

De posse desta informação, é interessante caracterizar o tipo de interação que está ocorrendo, se é simples ou complexa, ou seja, saber se existe concordância do desempenho de materiais superiores de um estádio para o outro. Isto para se obter dados consistentes que indiquem o melhor estádio para se praticar seleção, ou mesmo, caracterizar a necessidade de tomada de dados nos dois estádios para efetuar uma seleção baseada na repetibilidade de expressão do caráter.

Para caracterizar o tipo de interação que está ocorrendo entre cana-planta e cana-soca, anotaram-se, nas tabelas 19 a 22, os dados médios de número de colmos, peso de colmos, açúcar teórico recuperável e toneladas de açúcar por hectare de progênies e genitores em cana-planta e cana-soca,

com a respectiva classificação. Desta forma, tentou-se estabelecer um parâmetro comparativo do desempenho da progênie em cana-planta e soca. Visando melhor caracterizar este efeito, relacionou-se para cada caráter a média geral das progênies com a média das quatro melhores progênies selecionadas em cana-planta e cana-soca. Posteriormente, compararam-se as quatro progênies na soca selecionadas em cana-planta, com as quatro melhores selecionadas de cana-soca. O objetivo desta avaliação foi verificar em qual destes estádios haveria maior exploração do potencial genético (tabela VIII).

Tabela VIII. Avaliação da interação tratamentos por cortes (T x C) para os dados de progênies em cana-planta e cana-soca dos caracteres número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha.

Descrição Média	Nº de colmos	Peso (kg)	ATR (kg/t)	TAH (t/ha)
geral em cana-planta	523,92	685,61	121,62	11,79
4 melhores em cana-planta	572,84	778,00	128,99	13,38
geral em cana-soca	558,59	424,29	106,30	10,10
4 melhores em cana-soca	633,66	470,39	116,36	11,77
4 progênies em cana-soca selecionadas em cana-planta	602,84	428,66	106,40	11,38
Média (%)				
4 melhores em cana-planta/ geral em cana-planta	9,30	13,50	6,10	13,50
4 melhores em cana-soca/ geral em cana-soca	13,40	10,90	9,50	16,50
4 progênies em cana-soca selecionadas em cana-planta/ geral em cana-soca	7,90	1,00	0,10	12,70
4 progênies em cana-soca selecionadas em cana-planta/ 4 melhores em cana-soca	- 5,10	- 9,70	- 9,50	- 3,40

Fazendo esta comparação para o número de colmos, encontrou-se uma média geral de progênie em cana-planta de 523,92 e, para as quatro melhores progênies, que representam uma taxa de seleção de 23%, uma média de 572,84, ou seja, 9,3% acima da média geral. Na cana-soca, estabelecendo-se o mesmo parâmetro, a média das quatro melhores progênies foi 13,4% superior à média geral. Comparando a média geral das progênies em cana-soca com a média de quatro progênies na soca selecionadas na planta, observou-se um avanço de 7,9%, inferior ao conseguido através da seleção na soca. Comparando-se diretamente as quatro melhores progênies da cana-planta com as quatro da cana-soca, no estágio de soca, verificou-se que as melhores progênies selecionadas na soca foram superiores em 5,1% às selecionadas na planta.

Apesar de estas considerações serem interessantes no que diz respeito a uma exploração mais consciente da variabilidade gerada, no caso de número de colmos, a interação se aproximou mais de uma resposta simples, ou seja, as quatro melhores progênies de cana-planta não se distanciam significativamente das selecionadas em soca.

Tal fato não ocorreu com as mesmas considerações para o caráter peso de colmos. A superioridade das quatro progênes de cana-planta apontou um percentual de 13,5% e na cana-soca de 10,1%; no entanto, comparando-se as quatro progênes na soca, selecionadas em cana-planta, com a média geral das progênes, no mesmo estágio, apenas detectou-se uma diferença de 1%. Isto caracteriza uma interação complexa, onde a repetibilidade de um estágio para o outro não ocorreu. Comparando-se diretamente os dados de cana-planta e soca das correspondentes quatro melhores progênes no estágio de cana-soca, encontrou-se uma perda em média de peso de colmos da ordem de 9,7%, fato bastante relevante, que deve ser considerado com muito critério na seleção.

Avaliando-se o açúcar teórico recuperável, que apresentou uma interação significativa, encontrou-se situação semelhante. As quatro melhores progênes de cana-planta foram 6,1% superiores à média geral e, na cana-soca, as quatro melhores foram 9,5% superiores a média geral. Comparando-se a média geral das progênes em cana-soca com a média de quatro progênes na soca selecionadas na planta, encontrou-se uma diferença mínima de 0,1%. Portanto, se a seleção tomasse por base apenas o estágio de cana-planta, estaria deixando de explorar um potencial 9,5% superior. Tomando-se os dados da diferença entre as quatro melhores de cana-planta para as quatro melhores de cana-soca, chega-se a um diferencial de

quase 10 kg de açúcar a menos por tonelada de cana, um dado significativo que sugere maiores estudos para a determinação do estágio mais favorável para seleção.

Ao se avaliar os dados de toneladas de açúcar por hectare denota-se uma maior coincidência entre as progênies selecionadas em cana-planta e cana-soca, o que já havia sido evidenciado pela interação não significativa para esta característica, através dos estádios avaliados. No entanto, considerando-se que a perda, em termos de toneladas de açúcar por hectare, das quatro melhores de cana-planta em relação às da soca foi de 3,4% e que isto em valores corresponde a 0,39 t/ha, ou seja, uma perda de 390 kg de açúcar por hectare, isto significa que a menor discrepância dos dados reflete em perdas significativas na exploração do potencial gerado através dos cruzamentos.

Diante do potencial de variabilidade gerado através destes genitores e da metodologia seguida, pode-se admitir que a seleção na soqueira permite uma melhor exploração de variabilidade. No entanto, é importante ressaltar que estudos baseados em avaliações através das soqueiras devem ser efetuados, melhor delineando a repetibilidade dos caracteres, uma vez que a maior exploração da cultura canavieira processa-se através das soqueiras.

4.2.1. Ganho na seleção e correlação, considerando os dois estádios de seleção

As técnicas da genética quantitativa permitem que se estime o progresso a ser alcançado, aplicando um certo processo de seleção. Apesar de estas estimativas nem sempre serem exatas, porque os modelos em que elas se baseiam nem sempre explicam a totalidade dos fenômenos envolvidos, a estimação do progresso tem dado resultados satisfatórios num grande número de casos, não divergindo dos progressos reais (VENCOVSKY, 1978).

As expressões do progresso esperado permitem a comparação de diferentes processos de seleção, o que dificilmente pode ser feito na prática. Através de tais expressões também é possível saber quanta variação genética pode ser explorada, aplicando-se determinado esquema. Desta forma, tomando-se por base o potencial de variabilidade genética obtido a partir dos genitores envolvidos e da metodologia seguida, caracterizou-se o ganho na seleção e delineou-se quanto da variação genética das progênes seria explorada em cada estágio de desenvolvimento da planta.

A tabela 23 apresenta os dados de $G_{s1,2}$ e $G_{s2,1}$, referentes ao ganho na seleção no primeiro corte e o reflexo para o segundo corte e ganho na seleção no segundo

corte e o reflexo para o primeiro corte respectivamente. Donde se depreende, de maneira geral, que o ganho com a seleção praticada no segundo corte, com reflexos no primeiro corte, foi superior para todos os caracteres, sendo mais pronunciado para número de colmos e peso de colmos, embora esta última variável tenha apresentado ganhos negativos. Com base nesta evidência, pode-se dizer que estes dados corroboram as considerações feitas no item anterior. Uma análise relativa aponta 54,18% a mais de ganho para o caráter número de colmos, quando selecionado no segundo corte. De maneira semelhante, encontrou-se superioridade de 46,58% para peso de colmos, 36,17% para açúcar teórico recuperável e 8,05% para toneladas de açúcar por hectare.

Estabelecendo-se o cálculo da correlação entre cana-planta e cana-soca, ou seja, entre corte 1 e corte 2 ($r_{1,2}$), obteve-se correlação negativa para os dados de peso de colmos, da ordem de $-0,14$; e para açúcar teórico recuperável encontrou-se correlação bastante baixa, de $0,09$. Estes dados sugerem a necessidade de maior número de avaliações através das soqueiras, para uma definição quanto à repetibilidade da expressão do caráter, firmando, assim, a melhor maneira de explorar o potencial genético gerado através dos cruzamentos. Já os caracteres número de colmos e toneladas de açúcar por hectare apresentaram uma correlação de $0,50$ e $0,45$, respectivamente.

Em todas as avaliações e análises realizadas neste trabalho, o dado de número de colmos apresentou comportamento comparativo diferente dos demais caracteres, portanto, é bastante razoável o dado de correlação entre os dois estádios para ele encontrado. O dado de toneladas de açúcar por hectare apresentou uma correlação significativa do corte 1 para o corte 2 de 0,45, bastante superior ao dado encontrado para peso e açúcar teórico recuperável, o que demonstra certa incoerência, principalmente, quando se toma por referência os dados de ganho de seleção. Isto demonstra que este caráter deve ser melhor avaliado através de maior número de estádios, para melhor caracterizar sua repetibilidade, ou, então, que a expressão do seu potencial é melhor delineada, tomando-se por base os dados de cana-planta e de cana-soca.

5. CONCLUSÕES

De acordo com os dados obtidos, foi possível chegar às seguintes conclusões:

- O método de melhoramento tradicional, considerado neste trabalho, mostrou ter potencial apenas para o número de colmos. Este carácter, todavia, não está associado ao peso, o que caracteriza uma degeneração fisiológica.
- O desempenho das progênies foi inferior ao dos genitores em cana-planta e em cana-soca, para os caracteres peso de colmos, açúcar teórico recuperável e toneladas de açúcar por hectare, demonstrando a necessidade de uma reavaliação na metodologia adotada no melhoramento de cana-de-açúcar.
- Foi detectada a genealogia estreita dos genitores com vários ancestrais em comum, o que torna maior o coeficiente

de endogamia nas progênies geradas pelo intercruzamento.

- O potencial de variabilidade expresso nas progênies sugere a adoção de métodos de melhoramento populacionais, que aumentem a frequência dos genes favoráveis, para uma posterior exploração da heterose em cruzamentos.
- As normas adotadas para dar condição de igualdade na avaliação do potencial genético de genitores e progênies foram compatíveis, não havendo disparidade das informações, quando tomadas por estágio.
- Em vista da presença de vários ancestrais comuns, a caracterização dos genitores, através de seu coeficiente de parentesco, e da expressão de variabilidade de suas progênies, resultam em informações consistentes para o direcionamento de cruzamentos, no contexto do método de melhoramento adotado neste programa.
- Os caracteres peso de colmos e açúcar teórico recuperável apresentaram interação complexa para os dados de cana-planta mais soca, demonstrando baixo grau de concordância do desempenho dos materiais, de um estágio para outro.
- O estágio de desenvolvimento da planta que permitiu maior exploração de variabilidade genética foi o de cana-soca

para os caracteres: número e peso de colmos e açúcar
teórico recuperável.

LITERATURA CITADA

ARCENAU, G., 1965. Cultivated Sugarcane of the World and their Botanical Derivation. In: Proceedings of the XII Congress of the ISSCT, Puerto Rico, Elsevier, p. 844-845.

BREWBAKER, J.L., 1969. Genética na Agricultura; trad. de José T. do Amaral Gurgel e Roland Vencovsky. São Paulo, EDUSP/Polígono, 217 p.

BROWN, A.H.D., 1965. Correlation between Brix Juice and Fiber in Commercial Hybrid Sugarcane Populations. In: Proceedings of the XII Congress of the ISSCT, Puerto Rico, Elsevier, p. 754-759.

BROWN, A.H.D.; J. DANIELS e B.H.D. LATTER, 1968. Quantitative Genetics of Sugarcane. I. Analysis of Variation in a Commercial Hybrid Sugarcane Population. Theoretical and Applied Genetics, New York, 38:361-369.

BROWN, A.H.D.; J. DANIELS e B.H.D. LATTER, 1969. Quantitative Genetics of Sugarcane. II. Correlation Analysis of Continuous Characters in Relation to Hybrid Sugarcane Breeding. Theoretical and Applied Genetics, New York, 39:1-10.

- CESNIK, R., 1972. Estudo da Herdabilidade de Alguns Caracteres em Cana-de-Açúcar. Piracicaba, ESALQ/USP, 50 p. (Dissertação de Mestrado).
- DANIELS, J., 1965. Improving Sugarcane Breeding Methods to Increase Yields. Sugarcane Breeders' Newsletter, Florida, (18):5-17.
- DANIELS, J., 1973. Origin of *Saccharum officinarum* and *Saccharum robustum*. Sugarcane Breeders' Newsletter, Florida, (32):4-13.
- DEOTTI, R.C.; T.C. PEIXOTO e G.R. MACHADO JR., 1984. O Projeto Híbridaço da Copersucar. Boletim Tcnico Copersucar, So Paulo, (27):2-7.
- FALCONER, D.S., 1964. Introduction to Quantitative Genetics. New York, Ronald Press. 98 p.
- FISHER, R.A. e F. YATES, 1943. Statistical Tables. London, Oliver & Boyd. 98 p.
- GARDNER, C.O., 1963. Estimates of Genetic Parameters in Cross-Fertilizing Plants and their Implications in Plant Breeding. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON, ed. Statistical Genetics and Plant Breeding. NAS-NRC 982.

p. 225-252.

GEORGE, E.F., 1959. Effect of Environment on Components of Yield in Seedlings from Five *Saccharum* Crosses. In: Proceedings of the X Congress of the ISSCT, Hawaii, Elsevier, p. 755-765.

GEORGE, E.F., 1962. A Further Study of *Saccharum* Progenies in Contrasting Environments. In: Proceedings of the XI Congress of the ISSCT, Mauritius, Elsevier, p. 488-497.

HEBERT, L.P., 1965. Association between Yield Component and Yield of Sugarcane Varieties in Louisiana. In: Proceedings of the XII Congress of the ISSCT, Puerto Rico, Elsevier, p. 760-763.

HEBERT, L.P. e M.T. HENDERSON, 1959. Breeding Behavior of Certain Agronomic Characters in Progenies of Sugarcane Crosses. USDA Technical Bulletin. 1197. 54 p.

HIROMOTO, D.M. e N.A. VELLO, 1986. The Genetic Base of Brazilian Soybean (*Glycine max* (L.) MERRIL) Cultivars. Revista Brasileira de Genética. Ribeirão Preto, IX:295-306.

HOGARTH, D.M., 1968. A Review of Quantitative Genetics in Plant Breeding with Particular Reference to Sugar Cane. The Journal of the Australian Institute of Agricultural Science. 34:108-120.

HOGARTH, D.M., 1971. Quantitative Inheritance Studies in Sugarcane. I. Estimation of Variance Components. Australian Journal of Agricultural Research, Melbourne, 22:93-102.

HOGARTH, D.M.; K.L. WU e D.J. HEINZ, 1981. Estimating Genetic Variance in Sugarcane using Factorial Cross Design. Crop Science, Madison, 21:21-25.

HULL, F.H., 1945. Recurrent Selection for Specific Combining Ability. Journal of American Society of Agronomy, New York, 37 (2):134-145.

JAMES, N.I. e J.D. MILLER, 1971. Selection in Two Seedlings Crops of Four Sugarcane Progenies. Crop Science, Madison, 11:245-248.

KANG, M.S.; J.D. MILLER e P.Y.P. TAI, 1983. Genetic and Phenotyp Path Analysis and Heritability in Sugarcane. Crop Science, Madison, 23:643-647.

KANG, M.S.; J.D. MILLER e P.Y.P. TAI, 1984. Clonal and Individual Repeatability Agronomic Traits in Sugarcane. Journal of American Society of Sugar Cane Technologists, Florida, 3:22-27.

KEMPTHORNE, O., 1973. An Introduction to Genetic Statistic. Second printing. Iowa State University Press, Ames. 545 p.

KHAIRWAL, I.S. e C.N. BABU, 1976. Estimates of Heritability and its Implications in Selection of Sugarcane Varieties. Sugarcane Breeders' Newsletter, Florida, (37):22-38.

LADD, S.L.; D.J. HEINZ; H.K. MEYER e B.K. NISHIMOTO, 1974. Selection Studies in Sugarcane (*Saccharum* sp hybrids). I. Repeatability between Selection Stages. In: Proceedings of the XV Congress of the ISSCT, Durban, Hayne Et Gibson, p. 102-105. v.1.

MALECOT, G., 1969. The Mathematics of Heredity. San Francisco, W.H. Freeman. 88 p.

MARIOTTI, J.A., 1971. Estimaciones de Heredabilidad en Parcelas Clonales en Cinco Poblaciones Híbridas de Caña de Azúcar. Revista Agronómica del Noroeste Argentino. 8(3-4):373-389. Facultad de Agronomía y Zootecnia.

Universidad Nacional de Tucumán. Tucumán.

MARIOTTI, J.A., 1973. Experiencias de Selección Clonal en Caña de Azúcar en la Provincia de Jujuy. II. Repetibilidad y Herdabilidad de Caracteres de Interés Agronómico. Revista Agronómica del Noroeste Argentino, San Miguel de Tucumán, 10(1-2):61-73.

MARIOTTI, J.A.; J. SCANDALIANIS; M.A. AHMED e M.I. CUENYA, 1981. Analises del Comportamiento Familiar en Progenies Híbridas de Caña de Azúcar. Revista Industrial y Agrícola de Tucumán, San Miguel de Tucumán, 58(2):1-14.

MILLER, J.D., 1977. Combining Ability and Yield Component Analysis in a Five-Parent Diallel Cross in Sugarcane. Crop Science, Madison, 17:545-547.

MILLER, J.D. e N.I. JAMES, 1975. Selection in Six Crops of Sugarcane. I. Repeatability of three characters. Crop Science, Madison, 15:23-25.

PEIXOTO, T.C., 1981. Refinamento dos Métodos de Melhoramento de Cana-de-Açúcar. Piracicaba, USP/ESALQ. 39 p.

PEIXOTO, T.C. e W.L. BURNQUIST, 1984. Avaliação de

Genitores através de Caracterização da Herdabilidade de Variância Aditiva para os Caracteres de Interesse Agrônomo. Boletim Técnico Copersucar, São Paulo, (28):2-5.

PEIXOTO, T.C.; G.R. MACHADO JR. e R.C. DEOTTI, 1984. Novas Técnicas de Melhoramento. In: Anais do II Seminário de Tecnologia Agrônoma, Piracicaba, Copersucar, p. 119-149.

PEIXOTO, T.C. e A. RICCI, 1984. Amostra Mínima Representativa para Caracterização da Variabilidade Expressa na Descendência de Genitores de Cana-de-Açúcar. Boletim Técnico Copersucar, São Paulo, (28):27-30.

POLLOCK, J., 1980. Minimum Sample Size for Evaluation of Seedling Populations. Sugarcane Breeders' Newsletter, Florida, (43):12-14.

POMMER, C.V. e C.R. BASTOS, 1984. Genealogia de Variedades IAC de Cana-de-Açúcar: Vulnerabilidade Genética e Necessidade de Programas Básicos de Melhoramento. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 19(5):623-629.

SIMMONDS, N.W., 1979. Sugarcane. In: Evolution of Crop Plants. London, Longman Group Limited, p. 104-108.

- SINGH, H.N.; S.B. SINGH e T.K. SINGH, 1981. Selection Parameters in Sugarcane. Indian Journal of Agricultural Science, New Delhi, 51(8):562-566.
- SMITH, G.A. e N.I. JAMES, 1969. Association of Characters Within and Repeatability between Years in Progenies of Sugarcane Crosses. Crop Science, Madison, 9:819-821.
- SOUZA JR., C.L., 1983. Variabilidade Genética em Milho (Zea mays L.) e Relações com a Seleção Intra e Interpopulacional. Piracicaba, ESALQ/USP, 151 p. (Tese de Doutorado).
- STEEL, P.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. Analysis of Variances. IV. In: STEEL, P.G.D. e J.H. TORRIE. Principles and Procedures of Statistics. p. 232-249.
- STEVENSON, G.C., 1965. Genetics and Breeding of Sugar Cane. London, Longman, 284 p.
- STOKES, I.E. e H.M. TYSDAL, 1962. Significant Trends in Genealogies of Canal Point Varieties of Sugarcane. In: Proceedings of the XI Congress of the ISSCT, Mauritius, Elsevier, p. 456-464.
- STURION, C. e A.C. FERNANDES, 1979. Análise Direta da Cana-

-de-Açúcar pelo Método da Prensa Hidráulica. Boletim Técnico Copersucar, São Paulo, (8):12-15.

STURION, C. e A.C. FERNANDES, 1975. Pagamento da Cana-de-Açúcar pelo Teor de Sacarose. In: Anais do III Seminário Copersucar da Agroindústria Açucareira. Águas de Lindóia, Copersucar, p. 79-100.

TAI, P. e J.D. MILLER, 1978. The Predigree of Selected Canal Point (CP) Varieties of Sugarcane. Journal of American Society Sugar Cane Technologists, Florida, 8:p. 34-39.

VENCOVSKY, R., 1978. Herança Quantitativa. In: Melhoramento de Milho. Campinas, Fundação Cargill. p. 122-199.

WALKER, D.I.T. e N.W. SIMMONDS, 1984. A Comparison of the Performance of Sugarcane Varieties in Trials and Agriculture. In: BLACKBURN, F. Sugarcane. London, Longman. p. 124-135. (Tropical Agriculture Series).

WU, K.K.; D.J. HEINZ; MEYER, H.K. e LADD, S.L., 1978. Minimum Sample Size for Estimating Progeny Mean and Variance. Crop Science, Madison, 18:57-62.

ZACARIAS, C.A.B., 1977. Estimação de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos em Clones de Cana-de-Açúcar (*Saccharum* spp) e suas Implicações no Melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 82 p. (Tese de Mestrado).

APENDICE

Tabela 1. Constituição genética dos genitores, obtidos através do cálculo de coeficiente de parentesco de MALECOT (1969), considerando os ancestrais simbolizados por letras conforme caracterização na tabela II

	ANCESTRAIS	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	?
Co 775		1/16	1/16	1/16	1/16	1/16	1/4			1/16	1/16	1/8	1/16	1/16	1/16	1/16				1/16
CP 34-120		1/8	1/8	1/16	1/16	1/16	1/4			1/8				1/8						1/16
CP 51-22		1/16	13/128	3/64	3/64	3/64	3/16			13/128				1/16	1/32					10/32
H39-5803			1/32	5/128	5/128	5/128	5/32	1/8	1/8	1/32	1/32			1/32	1/8			1/8	1/16	5/128
IAC49/131			1/32	1/16	1/16	1/16				1/32										3/4
NA56-79			1/16	1/16	1/16	1/16	1/4			1/16	1/16			1/16	1/8					3/16
SP70-307			1/32	1/32	1/32	1/32	1/8			1/32	1/32	1/16	1/32	1/32		1/32				17/32
SP70-1078			1/64	1/32	1/32	1/32				1/64										7/8
SP70-1284				1/32	1/32	1/32	1/8													25/32
SP70-1434				1/32	1/32	1/32	1/8													25/32
SP71-799			1/32	1/32	1/32	1/32	1/8			1/32	1/32			1/32	1/16					19/32
SP71-1043		1/32	13/256	3/128	3/128	3/128	3/32			13/256				1/32	1/64					21/32
SP71-3669				5/256	5/256	5/256	5/64					1/32		1/16	1/128		1/16			179/256
SP71-3079			1/32	1/32	1/32	1/32	1/8			1/32	1/32	1/16	1/32	1/32		1/32				17/32
SP71-5421		1/32	11/128	7/128	7/128	7/128	3/16			11/128	1/32	1/16	1/32	1/16	1/64	1/32				27/128
SP71-6180			1/32	1/32	1/32	1/32	1/8			1/32	1/32			1/32	1/16					19/32
SP71-6949			1/32	1/32	1/32	1/32	1/8			1/32	1/32			1/32	1/16					19/32

Tabela 2. Constituição genética das progênes, obtidas através do cálculo de coeficiente de parentesco de MALECOT (1969), considerando os ancestrais simbolizados por letras conforme caracterização na tabela II

ANCESTRAIS		PROGÊNIES																	
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	?
P ₁	1/64	15/256	3/64	3/64	3/64	11/64	1/16	1/16	15/256	1/32	1/32	1/64	3/64	9/128	1/64	1/16	1/32	1/8	
P ₂	1/64	15/256	3/64	3/64	3/64	11/64	1/16	1/16	15/256	1/32	1/32	1/64	3/64	9/128	1/64	1/16	1/32	1/8	
P ₃		3/64	1/16	1/16	1/16	1/8			3/64	1/32			1/32	1/16				15/32	
P ₄		3/64	1/16	1/16	1/16	1/8			3/64	1/32			1/32	1/16				15/32	
P ₅		1/32	21/512	21/512	21/512	21/128			1/32	1/32	1/64		1/16	17/256		1/32		227/512	
P ₆		1/32	21/512	21/512	21/512	21/128			1/32	1/32	1/64		1/16	17/256		1/32		227/512	
P ₇		1/32	3/64	3/64	3/64	3/16			1/32	1/32			1/32	1/16				3/64	
P ₈	1/16	9/128	3/64	3/64	3/64	1/8			9/128				1/16					15/32	
P ₉	1/16	3/32	1/16	1/16	1/16	1/4			3/32	1/32			3/32	1/16				1/8	
P ₁₀		3/64	3/64	3/64	3/64	3/16			3/64	3/64	1/16	1/32	3/64	1/32	1/32			21/64	
P ₁₁	1/16	5/64	3/64	3/64	3/64	3/16			5/64	1/64			5/64	1/32				21/64	
P ₁₂		1/32	1/32	1/32	1/32	1/8			1/32	1/32	1/32	1/64	1/32	1/32	1/64			9/16	
P ₁₃		3/64	3/64	3/64	3/64	3/16			3/64	3/64	1/16	1/32	3/64	1/32	1/32			21/64	
P ₁₄		3/64	1/16	1/16	1/16	1/8			3/64	1/32			1/32	1/16				15/32	
P ₁₅	1/32	17/256	5/128	5/128	5/128	5/32			17/256	1/64	1/32	1/64	3/64	1/64	1/64			27/64	
P ₁₆		1/64	1/32	1/32	1/32	1/8			1/64	1/64			1/64	1/32				44/64	
P ₁₇		1/16	1/16	1/16	1/16	1/4			1/16	1/16	1/16	1/32	1/16	1/16	1/32			1/8	

Tabela 3. Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA) frequência do ancestral na genealogia (FAG), das progênies estudadas.

Letras	Ancestral	Espécie	CGR	CGA	FAG
F	EK-28		16,64	16,64	100,00
B	Black charibon	<i>S. officinarum</i>	5,08	21,72	100,00
I	Chunnee	<i>S. barberi</i>	5,08	26,80	100,00
M	Saccharum spontaneum (Colmbatore)	<i>S. spontaneum</i>	4,87	31,67	100,00
C	Saccharum spontaneum (Java)	<i>S. spontaneum</i>	4,85	36,52	100,00
D	Bandjermasim Hitam	<i>S. officinarum</i>	4,85	41,37	100,00
E	Loethers	<i>S. officinarum</i>	4,85	46,22	100,00
N	White transparent x ?	<i>S. officinarum</i>	4,83	51,05	94,12
J	Kaludai Bootham	<i>S. officinarum</i>	3,03	54,08	94,12
K	Striped Mauritius	<i>S. officinarum</i>	2,02	56,10	52,94
A	Ashy Mauritius	<i>S. officinarum</i>	1,47	57,57	35,29
L	Saretha	<i>S. barberi</i>	0,92	58,49	41,18
O	Boothan Rouge		0,92	59,41	41,18
G	Yellow Caledonia	<i>S. officinarum</i>	0,73	60,14	11,76
H	Lahaina	<i>S. officinarum</i>	0,73	60,87	11,76
Q	K-202		0,73	61,60	11,76
P	Q-116		0,37	61,97	11,76
R	Mol. 1178	<i>S. spontaneum</i>	0,37	62,34	11,76
?			37,66	100,00	100,00

Tabela 4. Análise da variância dos dados de cana-planta para número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha, com tratamentos desdobrados em genitoras e progênies. Piracicaba, SP, 1983.

FV	GL	Nº de colmos		Peso (kg)		ATR (kg/t)		TAH (t/ha)	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Blocos	2	441,6767	0,27	16.220,4467	2,69	31,5673	1,25	3,1498	1,18
Genitoras (G)	12	4.398,1026	2,69**	40.133,3125	6,65**	359,5470	14,27**	12,6259	4,71**
Progênies (P)	16	3.945,6887	2,41**	14.968,2933	2,48**	106,2759	4,22**	3,5937	1,34
G vs P	1	13.669,5385	8,36**	838.406,5842	138,91**	722,7487	28,68**	460,2745	171,77**
Resíduo	58	1.634,7238		6.035,6912		25,2001		2,6796	
Total	89								
C.V. (%)		7,90		10,10		4,00		11,90	
Média		513,14		767,64		124,71		13,77	

Tabela 5. Comparação das médias dos genitores (G) e progênie (P) em cana-planta, para os caracteres: número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha. Piracicaba, SP, 1983.

	Nº de colmos	Peso (kg)	ATR (kg/t)	TAH (t/ha)
G	499,02	877,99	127,95	16,35
P	523,92	683,26	122,23	11,79
Teste F	8,36**	138,91**	28,68**	171,77**
P - G				
----- %	(+) 4,90	(-) 22,18	(-) 4,47	(-) 27,89
G				

Tabela 6. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas
progenies (P), acompanhados de suas respectivas médias (M),
para o caráter número de colmos em cana-planta. Piracicaba,
SP, 1983.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁	= 517,00	vs P ₁₀	= 537,67	1	640,6666	0,39
G ₆	= 448,33	vs P ₁₄	= 475,33	1	1.093,5000	0,67
G ₈	= 551,00	vs P ₆	= 507,33	1	2.860,1666	1,75
G ₉	= 489,33	vs P ₁	= 526,00	1	2.016,6666	1,23
G ₁₁	= 518,33	vs P ₁₃	= 505,33	1	253,5000	0,16
G ₁₂	= 550,00	vs P ₁₅	= 511,33	1	2.242,6666	1,37
G ₁₃	= 428,00	vs P ₁₆	= 470,33	1	2.688,1666	1,64
G ₂	= 482,67	vs P _{3,5,7,17}	= 542,75	1	5.415,0104	3,31
Outros contrastes				21	5.353,4467	3,28**
Tratamentos				29	4.468,1995	2,73**
Resíduo				58	1.634,7238	
Total				89		

Tabela 7. Dados de herdabilidade no sentido amplo para genitores e progênies nos estádios de cana-planta e cana-soca, considerando-se a unidade de parcelas e média das três repetições do experimento. Piracicaba, SP, 1983/1984.

	Planta Soca		Planta Soca		Planta Soca		Planta Soca	
	Nº de colmos		Peso (kg)		ATR (kg/t)		TAH (t/ha)	
Genitores h^2_o h^2_a	0,360	0,350	0,653	0,590	0,816	0,903	0,553	0,766
	0,628	0,617	0,849	0,812	0,930	0,966	0,788	0,908
Progênies h^2_p h^2_a	0,320	0,554	0,330	0,194	0,518	0,542	0,102	0,301
	0,586	0,789	0,597	0,419	0,763	0,781	0,254	0,563

Tabela 8. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas proleções (P), acompanhados de suas respectivas médias (M), para o caráter peso de colmos em kg, no estádio de cana-planta. Piracicaba, SP, 1983.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁	= 863,00	vs P ₁₀	= 682,50	1	48.870,3750	8,10**
G ₆	= 862,33	vs P ₁₄	= 569,33	1	128.773,5000	21,34**
G ₈	= 1.130,00	vs P ₆	= 670,17	1	317.170,0416	52,55**
G ₉	= 682,00	vs P ₁	= 661,00	1	661,5000	0,11
G ₁₁	= 798,67	vs P ₁₃	= 644,67	1	35.574,0000	5,89**
G ₁₂	= 976,67	vs P ₁₅	= 656,17	1	154.080,3750	25,53**
G ₁₃	= 830,17	vs P ₁₆	= 658,17	1	44.376,0000	7,35**
G ₂	= 859,50	vs P _{3,5,7,17}	= 763,33	1	22.755,0416	3,77
Outros contrastes				21	38.901,0426	6,45**
Tratamentos				29	53.763,4147	8,91**
Resíduo				58	6.035,6912	
Total				89		

Tabela 9. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas
progenies (P), acompanhados de suas respectivas médias (M),
para o caráter açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t.
Piracicaba, SP, 1983.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁ =	134,73	vs P ₁₀	= 110,97	1	847,2810	33,62**
G ₆ =	110,23	vs P ₁₄	= 127,67	1	425,0417	16,87**
G ₈ =	104,70	vs P ₆	= 131,63	1	1.088,1066	43,18**
G ₉ =	130,97	vs P ₁	= 116,07	1	333,0150	13,22**
G ₁₁ =	131,17	vs P ₁₃	= 129,53	1	4,0017	0,16
G ₁₂ =	127,77	vs P ₁₅	= 126,23	1	3,5267	0,14
G ₁₃ =	123,30	vs P ₁₆	= 126,40	1	14,4150	0,57
G ₂ =	134,77	vs P _{3,5,7,17}	= 121,48	1	265,0026	10,52**
Outros contrastes				21	181,6504	7,21**
Tratamentos				29	232,3354	9,22**
Resíduo				58	25,2001	
Total				89		

Tabela 10. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas progênies (P), acompanhados de suas respectivas médias (M), para o caráter toneladas de açúcar por hectare (TAH), em kg/t, no estágio de cana-planta. Piracicaba, SP, 1983.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁	= 16,60	vs P ₁₀	= 10,77	1	51,0416	19,05**
G ₆	= 17,40	vs P ₁₄	= 10,33	1	74,9066	28,00**
G ₈	= 16,97	vs P ₆	= 12,63	1	28,1667	10,51**
G ₉	= 12,70	vs P ₁	= 10,97	1	4,5066	1,68
G ₁₁	= 14,93	vs P ₁₃	= 11,93	1	13,5000	5,04
G ₁₂	= 17,87	vs P ₁₅	= 11,03	1	54,6017	20,36**
G ₁₃	= 15,30	vs P ₁₆	= 10,67	1	32,2016	12,02**
G ₂	= 16,60	vs P _{3,5,7,17}	= 12,53	1	24,9085	9,30**
Outros contrastes				21	18,6714	7,00**
Tratamentos				29	23,0787	8,61**
Resíduo				58	2,6795	
Total				89		

Tabela 11. Análise da variância dos dados de cana-soca para número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teóricamente recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha, com tratamentos desdobrados em genitores e progênies. Piracicaba, SP, 1984.

FV	Nº de colmos				Peso (kg)				ATR (kg/t)				TAH (t/ha)			
	GL	QM	F		QM		F		DM		F		DM		F	
Blocos	2	5.343,8117	2,70		2.651,9333		1,07		125,3475		2,87		8,2659		4,46 ^e	
Genitores (G)	12	5.179,4786	2,61 ^{**}		13.187,0881		5,32 ^{**}		1.266,4849		28,99 ^{**}		20,0819		10,83 ^{**}	
Progênies (P)	16	9.376,8137	4,73 ^{**}		4.273,2701		1,72		198,9824		4,86 ^{**}		4,2433		2,29 ^e	
G vs P	1	44.291,6924	22,35 ^{**}		877.129,4020		353,64 ^{**}		323,0335		7,39 ^{**}		282,9227		152,58 ^{**}	
Resíduo	58	1.982,1329			2.480,3078				43,6862				1,8543			
Total	89															
C.V.		8,50			9,80				6,10				11,70			
Média		526,17			510,62				107,96				11,65			

Tabela 12. Comparação de médias dos genitores (G) e progênies (P) em cana-soca, para os caracteres: número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha. Piracicaba, SP, 1984.

	Nº de colmos	Peso (kg)	ATR (kg/t)	TAH (t/ha)
G	513,82	635,52	110,13	12,73
P	558,59	424,29	106,30	10,10
Teste F	22,35**	353,64**	7,39**	152,58**
P - G	(+) 8,71	(-) 31,95	(-) 3,40	(-) 20,66
G				

Tabela 13. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas
progenies (P), acompanhados de suas respectivas médias (M),
para o caráter número de colmos, no estado de cana-soca.
Piracicaba, SP, 1984.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁ =	506,67	vs	P ₁₀	1	7.280,1667	3,67
G ₆ =	449,00	vs	P ₁₄	1	0,6666	0,00
G ₈ =	607,67	vs	P ₆	1	7.704,1666	3,89
G ₉ =	502,67	vs	P ₁	1	2.016,6667	1,02
G ₁₁ =	479,67	vs	P ₁₃	1	253,5000	0,13
G ₁₂ =	530,33	vs	P ₁₅	1	2.242,6667	1,13
G ₁₃ =	484,33	vs	P ₁₆	1	6.016,6667	3,04
G ₂ =	534,33	vs	P _{3,5,7,17}	1	6.288,8438	3,17
Outros contrastes				21	10.800,8012	5,45**
Tratamentos				29	8.843,9468	4,46**
Resíduo				58	1.982,1329	
Total				89		

Tabela 14. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas progenies (P), acompanhados de suas respectivas médias (M), para o caráter peso de colmos em kg, no estádio de cana-soca. Piracicaba, Sp, 1984.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁	= 525,87	vs P ₁₀	= 445,50	1	9.688,2016	3,91
G ₆	= 601,10	vs P ₁₄	= 353,60	1	91.884,3750	37,05**
G ₈	= 743,57	vs P ₆	= 413,90	1	163.020,1666	65,73**
G ₉	= 539,13	vs P ₁	= 469,30	1	7.315,0416	2,95
G ₁₁	= 605,43	vs P ₁₃	= 372,27	1	81.550,0417	32,88**
G ₁₂	= 622,83	vs P ₁₅	= 381,93	1	87.049,2150	35,10**
G ₁₃	= 640,23	vs P ₁₆	= 414,13	1	76.681,8150	30,92**
G ₂	= 722,43	vs P _{3,5,7,17}	= 439,13	1	120.388,3350	48,54**
Outros contrastes				21	22.101,0090	8,91**
Tratamentos				29	38.060,2338	15,35**
Resíduo				58	2.480,3078	
Total				89		

Tabela 15. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas progênies (P), acompanhados de suas respectivas médias (M), para o caráter açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t, no estágio de cana-soca, Piracicaba, SP, 1984.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁	= 100,65	vs P ₁₀	= 109,95	1	129,8280	2,97
G ₆	= 93,10	vs P ₁₄	= 103,03	1	147,8080	3,38
G ₈	= 73,03	vs P ₆	= 111,69	1	2.242,2800	51,33**
G ₉	= 113,30	vs P ₁	= 92,43	1	653,1266	14,95**
G ₁₁	= 110,57	vs P ₁₃	= 106,16	1	29,2162	0,67
G ₁₂	= 86,42	vs P ₁₅	= 102,03	1	365,3520	8,36**
G ₁₃	= 95,42	vs P ₁₆	= 103,86	1	106,6817	2,44
G ₂	= 128,64	vs P _{3,5,7,17}	= 110,12	1	514,6245	11,78**
Outros contrastes						
Tratamentos				21	698,6840	15,99**
Resíduo				29	645,0541	14,77**
				58	43,6862	
Total				89		

Tabela 16. Análise do contraste entre genitores (G) maternos e suas progênieis (P), acompanhados de suas respectivas médias (M), para o caráter toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha, no estado de cana-soca. Piracicaba, SP, 1984.

G	M	P	M	GL	QM	F
G ₁	= 12,40	v5 P ₁₀	= 9,19	1	15,3920	8,30**
G ₆	= 11,45	v5 P ₁₄	= 8,43	1	13,7100	7,39**
G ₈	= 11,77	v5 P ₆	= 10,70	1	1,7174	0,93
G ₉	= 11,08	v5 P ₁	= 8,74	1	8,2368	4,44*
G ₁₁	= 12,60	v5 P ₁₃	= 9,77	1	11,9850	6,46*
G ₁₂	= 12,05	v5 P ₁₅	= 9,45	1	10,1660	5,48*
G ₁₃	= 11,32	v5 P ₁₆	= 8,79	1	9,6266	5,19*
G ₂	= 15,83	v5 P _{3,5,7,17}	= 10,78	1	38,1780	20,59**
Outros contrastes				21	23,1605	12,49**
Tratamentos				29	20,4068	11,01**
Resíduo				58	1,8543	
Total				89		

Tabela 17. Análise da variância dos dados de cana-planta + soca para número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha, através do delineamento estatístico de parcela subdividida no tempo (STEEL e TORRIE, 1960). Piracicaba, SP, 1983/1984.

FV	Nº de colmos			Peso (kg)		ATR (kg/t)		TAH (t/ha)	
	GL	QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Blocos (B)	2	1.484,2667	0,67	9.449,2445	1,60	20,4778	0,59	10,2764	2,80
Tratamentos (T)	29	10.952,9943	4,91**	82.076,2784	13,89**	667,2779	19,30**	32,3750	10,73**
Ea	58	2.232,6402		5.912,3734		34,5759		3,6695	
Cortes (C)	1	30.499,5556	22,80**	2.973,339,0222	1,182,39**	12.622,5778	380,58**	201,3986	241,05**
T x C	29	2.360,4579	1,77*	9.705,2837	3,86**	210,1140	6,34**	4,1106	4,92**
B x C	2	4.285,1556	3,20*	9.385,6889	3,73*	136,3944	4,11*	1,1403	1,37
Eb	58	1.337,6560		2.514,6882		33,1667		0,8355	
Total	179								
C.V.a		8,98		12,03		5,05		15,07	
C.V.b		7,07		7,98		5,04		7,31	
Média		526,17		639,13		116,33		12,71	

Tabela 18. Análise da variância dos dados de cana-planta + soca das progênies para os caracteres número de colmos, peso de colmos em kg, açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t e toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha. Piracicaba, SP, 1983/1984.

FV	GL	Nº de colmos		Peso (kg)		ATR (kg/t)		TAH (t/ha)	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Blocos (B)	2	2.669,0000	0,97	11.391,0000	1,85	117,5000	4,07*	11,4429	3,80*
Tratamentos (T)	16	10.338,0000	3,76**	10.467,7500	1,70	168,3906	5,83**	6,7639	2,25*
Ea	32	2.749,0000		6.168,8750		28,8906		3,0122	
Cortes (C)	1	30.644,0000	20,34**	1.710.830,0000	791,07**	6.472,8750	275,99**	72,6463	85,44**
T x C	16	2.984,3750	1,98*	8.765,8750	4,05**	136,8672	5,84**	1,0730	1,26
B x C	2	657,0000	0,44	8.649,0000	4,00*	313,7500	13,38**	2,4316	2,86
Eb	32	1.506,8130		2.162,6875		23,4531		0,8509	
Total	101								
C.V.a		9,69		14,18		4,70		15,85	
C.V.b		7,17		8,40		4,24		8,42	
Média		541,26		553,77		114,26		10,95	

Tabela 19. Dados médios de parcela e classificação (class.) das progênies (P) e genitores (G) em cana-planta e cana-soca, para o caráter número de colmos. Piracicaba, SP, 1983/1984.

Tratamentos	Nº de colmos			
	Cana-planta		Cana-soca	
	Média	Class.	Média	Class.
P ₁₂	594,67	(01)	662,00	(01)
P ₇	576,00	(02)	526,67	(13)
P ₅	569,67	(03)	635,67	(02)
P ₄	551,00	(04)	587,00	(04)
P ₃	543,67	(05)	635,67	(02)
P ₁₀	537,67	(06)	576,33	(06)
P ₉	534,67	(07)	585,00	(05)
P ₁	526,00	(08)	539,33	(09)
P ₂	522,67	(09)	565,00	(07)
P ₁₁	520,00	(10)	529,00	(12)
P ₁₅	511,33	(11)	491,67	(15)
P ₆	507,33	(12)	536,00	(11)
P ₁₃	505,33	(13)	492,67	(14)
P ₁₇	481,67	(14)	598,33	(03)
P ₈	479,33	(15)	538,33	(10)
P ₁₄	475,33	(16)	449,67	(16)
P ₁₆	470,33	(17)	547,67	(08)
G ₈	551,00	(01)	607,67	(01)
G ₁₂	550,00	(02)	530,33	(04)
G ₃	528,00	(03)	563,00	(02)
G ₅	528,00	(03)	520,00	(06)
G ₁₁	518,33	(04)	479,67	(11)
G ₁	517,00	(05)	506,67	(07)
G ₁₀	498,33	(06)	527,67	(05)
G ₄	493,33	(07)	506,33	(08)
G ₉	489,33	(08)	502,67	(09)
G ₂	482,67	(09)	534,33	(03)
G ₇	455,33	(10)	468,00	(12)
G ₆	448,33	(11)	449,00	(13)
G ₁₃	428,00	(12)	484,33	(10)

Tabela 20. Dados médios de parcela e classificação (class.) das progênies (P) e genitores (G) em cana-planta e cana-soca, para o caráter peso de colmos em kg. Piracicaba, SP, 1983/1984.

Tratamentos	Peso (kg)			
	Cana-planta		Cana-soca	
	Média	Class.	Média	Class.
P 7	892,00	(01)	380,17	(15)
P 17	790,17	(02)	477,23	(02)
P 4	717,50	(03)	410,83	(12)
P 9	712,33	(04)	446,40	(05)
P 11	689,67	(05)	435,23	(08)
P 10	682,50	(06)	445,50	(07)
P 12	674,33	(07)	482,23	(01)
P 2	672,83	(08)	426,93	(09)
P 6	670,17	(09)	413,90	(11)
P 8	661,33	(10)	404,20	(13)
P 1	661,00	(11)	469,30	(03)
P 16	658,17	(12)	414,13	(10)
P 15	656,17	(13)	381,93	(14)
P 13	644,67	(14)	372,27	(16)
P 3	643,00	(15)	446,33	(06)
P 5	620,17	(16)	452,80	(04)
P 14	569,33	(17)	353,60	(17)
G 8	1.130,00	(01)	743,57	(01)
G 5	1.041,50	(02)	649,03	(04)
G 12	976,67	(03)	622,83	(06)
G 3	904,50	(04)	699,40	(03)
G 1	863,00	(05)	525,87	(13)
G 6	862,33	(06)	601,10	(08)
G 2	859,50	(07)	722,43	(02)
G 7	853,33	(08)	584,83	(10)
G 13	830,17	(09)	640,23	(05)
G 4	829,50	(10)	580,77	(11)
G 11	798,67	(11)	605,43	(07)
G 10	782,67	(12)	591,07	(09)
G 9	682,00	(13)	539,13	(12)

Tabela 21. Dados médios de parcela e classificação das (class.) progênies (P) e genitores (G) em cana-planta e cana-soca, para o caráter açúcar teórico recuperável (ATR) em kg/t. Piracicaba, SP, 1983/1984.

Tratamentos	ATR (kg/t)			
	Cana-planta		Cana-soca	
	Média	Class.	Média	Class.
P ₆	131,63	(01)	111,69	(04)
P ₁₃	129,53	(02)	106,16	(09)
P ₁₁	127,70	(03)	104,74	(10)
P ₁₄	127,07	(04)	103,03	(12)
P ₁₆	126,30	(05)	103,86	(11)
P ₁₇	126,23	(06)	111,36	(05)
P ₁₅	125,23	(07)	102,03	(13)
P ₅	122,43	(08)	118,63	(02)
P ₈	122,37	(09)	116,26	(03)
P ₂	120,37	(10)	98,25	(15)
P ₁₂	117,47	(11)	108,69	(08)
P ₇	117,23	(12)	109,46	(07)
P ₄	116,90	(13)	90,61	(17)
P ₃	116,07	(14)	101,02	(14)
P ₁	116,07	(14)	92,43	(16)
P ₉	113,97	(15)	118,86	(01)
P ₁₀	110,97	(16)	109,95	(06)
G ₄	142,73	(01)	132,92	(02)
G ₅	141,30	(02)	130,75	(03)
G ₂	134,77	(03)	128,64	(04)
G ₁	134,73	(04)	100,65	(09)
G ₃	132,90	(05)	124,50	(05)
G ₁₁	131,17	(06)	110,57	(07)
G ₉	130,97	(07)	113,30	(06)
G ₁₂	127,77	(08)	86,42	(12)
G ₁₀	125,63	(09)	140,97	(01)
G ₁₃	123,30	(10)	95,42	(10)
G ₇	123,10	(11)	101,43	(08)
G ₆	110,23	(12)	93,10	(11)
G ₈	104,70	(13)	73,03	(13)

Tabela 22. Dados médios de parcela e classificação (class.) das progênes (P) e genitores (G) em cana-planta e cana-soca, para o caráter toneladas de açúcar por hectare (TAH) em t/ha. Piracicaba, SP, 1983/1984.

Tratamentos	TAH (t/ha)			
	Cana-planta		Cana-soca	
	Média	Class.	Média	Class.
P 17	14,23	(01)	12,60	(01)
P 7	14,00	(02)	10,39	(07)
P 11	12,63	(03)	11,77	(03)
P 6	12,63	(03)	10,70	(05)
P 4	12,10	(04)	11,92	(02)
P 13	11,93	(05)	9,77	(10)
P 15	11,83	(06)	9,45	(11)
P 2	11,73	(07)	9,44	(12)
P 9	11,60	(08)	9,09	(14)
P 8	11,57	(09)	10,53	(06)
P 12	11,57	(09)	10,77	(04)
P 5	11,10	(10)	10,08	(08)
P 1	10,97	(11)	8,74	(16)
P 10	10,77	(12)	9,19	(13)
P 3	10,77	(12)	10,05	(09)
P 16	10,67	(13)	8,79	(15)
P 14	10,33	(14)	8,43	(17)
G 5	21,07	(01)	19,45	(01)
G 12	17,87	(02)	12,05	(09)
G 6	17,40	(03)	11,45	(11)
G 3	17,17	(04)	16,08	(02)
G 8	16,97	(05)	11,77	(10)
G 4	16,90	(06)	15,68	(05)
G 1	16,60	(07)	12,40	(07)
G 2	16,60	(07)	15,83	(03)
G 13	15,30	(08)	11,32	(12)
G 7	15,03	(09)	12,33	(08)
G 11	14,93	(10)	12,60	(06)
G 10	14,07	(11)	15,78	(04)
G 9	12,70	(12)	11,08	(13)

Tabela 23. Dados referentes a ganho na seleção do primeiro corte para o segundo corte ($G_{s1,2}$), ganho na seleção do segundo corte para o primeiro corte ($G_{s2,1}$), relação percentual de $G_{s2,1}/G_{s1,2}$ e correlação entre os dois cortes ($r_{1,2}$). Piracicaba, SP, 1983/1984.

	Nº de colmos	Peso (kg)	ATR (kg/t)	TAH (t/ha)
$G_{s1,2}$	31,97	- 17,86	0,94	0,87
$G_{s2,1}$	49,29	- 9,54	1,28	0,94
$G_{s2,1}/G_{s1,2}$ (%)	54,18	46,58	36,17	8,05
$r_{1,2}$	0,50	- 0,14	0,09	0,45