DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES DE CANA-DE-AÇÚCAR
(*Saccharum* spp.) CULTIVADAS NO BRASIL

CARLOS EDUARDO LINS E SILVA PIRES

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

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.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo - Brasil

Junho - 1993

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCLQ/USP

Pires, Carlos Eduardo Lins e Silva
P667d Diversidade genética de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) cultivadas no Brasil. Piracicaba, 1993.
120p. ilus.

Tese - ESALQ
Bibliografia.

1. Cana-de-açúcar - Diversidade genética - Brasil
2. Cana-de-açúcar - Melhoramento - Brasil 3. Cana-de-açúcar - Variedade - Brasil I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD 633.61

DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES DE CANA-DE-AÇÚCAR
(*Saccharum* spp.) CULTIVADAS NO BRASIL

CARLOS EDUARDO LINS E SILVA PIRES

Aprovado em: 20.10.1993

Comissão julgadora

Prof. Dr. Natal Antonio Vello	ESALQ/USP
Prof. Dr. Gerhard Bandel	ESALQ/USP
Prof. Dr. Sizuo Matsuoka.....	UFSC/SP
Prof. Dr. Léo Zimback	IAC/SP
Dr. Luciano Lourenço Nass	EMBRAPA/DF

Prof. Dr. Natal Antonio Vello

Orientador

Aos meus pais "in memoriam"

OFEREÇO

A

Milu, Aldo e André

companheiros de todas as lutas

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a todos que, de alguma forma, deram provas de confiança a realização deste trabalho.

Quero distinguir em meus agradecimentos:

O Profº Natal Antonio Vello, orientador e amigo, que mais uma vez acompanhou com desvelo todo o processo de elaboração desta pesquisa;

O amigo, pesquisador Mário Marreira de Melo, exemplo de dignidade e honradez e de dedicação a pesquisa canavieira, pela confiança;

Os pesquisadores do PLANALSUCAR Sérgio Farias, Giovanni Perazzo, Cláudio Calábria, Mauro Medeiros e José Lourenço pela inestimável colaboração e apoio;

O Engenheiro Agrônomo Carlos Eduardo Ferreira Pereira, Superintendente do extinto Instituto do Açúcar e do Alcool, pelo apoio recebido;

O Profº Cosme Damião Cruz, da UFV/Viçosa-MG. pela concessão de uso do programa GENES;

O Profº Wagner Pereira Reis da UFL/LAVRAS-MG., pela revisão e sugestões apresentadas;

Os pesquisadores da Área de Melhoramento do extinto PLANALSUCAR-Araras-SP, pelos dados fornecidos;

Os funcionários do Centro de Pesquisa de Cana-de-Açúcar de Carpina (PLANALSUCAR), pelo apoio e serviços prestados;

Os docentes do Depto de Genética da ESALQ/USP pelos ensinamentos e estímulo;

Os colegas de curso pelo convívio e amizade;

Os funcionários do Depto de genética da ESALQ/USP pelos serviços prestados;

O CNPQ pela bolsa de estudo tão necessária a realização deste trabalho;

A EMBRAPA pela oportunidade de participar do seu programa de treinamento;

A Pro-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação da UFRPE pelo apoio recebido.

Os amigos Edmilson e Irene Marques, Marcos Cabral, Pedro e Angela Cruz, José Renato e Jussara Ben, Pedro e Carmém Neves pela convivência fraterna e acolhedora durante a permanência em Piracicaba.

SUMARIO

	Página
RESUMO.....	vii
SUMMARY.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISAO DE LITERATURA.....	5
2.1. Genética, citogenética e melhoramento	5
2.2. Base genética.....	24
2.3. Divergência genética.....	28
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	38
3.1. Base genética.....	38
3.2. Divergência genética.....	42
3.2.1. Métodos multivariados.....	43
3.2.1.1. Análises da variância.....	44
3.2.1.2. Distância de Mahalanobis.....	45
3.2.1.3. Distância Euclidiana.....	46
3.2.1.4. Análise de agrupamento.....	48
3.2.2. Métodos baseados no coeficiente de parentesco.....	49
3.2.3. Comparação entre métodos.....	51
3.2.3.1. Multivariado <i>versus</i> coeficiente de parentesco	51
3.2.3.2. Coeficiente de parentesco <i>versus</i> marcador molecular (RFLP).....	51

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	53
4.1. Base genética.....	53
4.2. Divergência genética com base em métodos mul- variados.....	59
4.2.1. Análise preliminar.....	59
4.2.2. Baseada na Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2).	60
4.2.3. Comparação entre estimativas obtidas por diferentes técnicas multivariadas	62
4.3. Divergência genética medida com base no coe- ficiente de parentesco.....	64
4.4. Comparação entre estimativas da divergência genética obtidas por diferentes métodos....	67
5. CONCLUSOES.....	70
REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS	73
TABELAS.....	85
FIGURAS.....	112

DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES DE CANA-DE-AÇÚCAR
(*Saccharum* spp.) CULTIVADAS NO BRASIL

Autor: CARLOS EDUARDO LINS E SILVA PIRES

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

RESUMO

O presente estudo, sobre a diversidade genética envolvida no germoplasma de cana-de-açúcar em cultivo no Brasil, teve como objetivos estimar a magnitude da base genética das principais variedades comerciais e a sua divergência genética.

Com base nas genealogias de 29 variedades foram calculados coeficientes de parentesco de Malécot, admitindo-se a transmissão de 50% dos genes nucleares de cada parental. Foram considerados como exceções os cruzamentos interespecíficos envolvendo genótipos de *S. officinarum* e os dois primeiros retrocruzamentos para esta espécie, pois as plantas das gerações F1, RC1 e RC2 recebem 2/3 dos genes do genótipo de *S. officinarum* e 1/3 dos genes do outro parental.

Foram identificados 15 ancestrais primitivos na constituição genética das variedades, representando três espécies. Os dez ancestrais de *S. officinarum* contribuíram

em média com 84% dos genes, sendo que 59% foram provenientes de apenas quatro desses ancestrais. A contribuição genética acumulada dos três ancestrais de *S. barberi* e dos dois ancestrais de *S. spontaneum* foi de 8,63% e 7,00%, respectivamente. Estes resultados permitiram concluir que a base genética das variedades estudadas é restrita. Entre as variedades nacionais, as geradas pelo programa de melhoramento da Estação Experimental de Campos apresentam, em sua constituição genética, uma participação maior de *S. barberi* e aquelas do Instituto Agronômico de Campinas têm uma contribuição de *S. spontaneum* maior, com relação às demais.

A partir de dados morfométricos, obtidos em três cortes de dois experimentos conduzidos em locais distintos, aplicou-se o método multivariado Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2). As estimativas de divergência genética entre 16 variedades não apresentaram consistência diante da variação ambiental, o que pode ser explicado pela ocorrência de interação genótipos *versus* ambientes. Para um mesmo grupo de dados foram obtidas correlações fortes ($r > 0,78$) entre quatro métodos multivariados (D^2 , a Distância Euclidiana obtida a partir dos dados originais padronizados e a Distância Euclidiana Média obtida a partir dos escores dos componentes principais e dos escores das variáveis canônicas).

As estimativas de divergência genética entre 29 variedades a partir do coeficiente de parentesco, admitindo-se que os ancestrais primitivos não são relacionados (f : iniciando com coeficiente de parentesco nulo, $f=0$) apresentaram forte correlação ($r = 0,97$) com aquelas obtidas considerando-se os mesmos relacionados (f_a : parentesco inicial estimado por RFLP e complementado por f). No entanto, os valores de f tiveram maior intervalo de variação do que f_a , possibilitando uma melhor discriminação dos resultados. A maior divergência genética foi verificada entre as variedades Co331 e Co997 ($f=0,014$) e a menor entre NA56-79 e as variedades RB725828, SP71-799, SP71-1406 e SP71-6163 ($f=0,673$). Cada uma das variedades estudadas pode ser considerada geneticamente divergente de pelo menos uma outra. Na média, as variedades Co331 ($f=0,115$) e NA56-79 ($f=0,389$) foram, respectivamente, as que apresentaram maior e menor divergência das demais.

Comparando-se as estimativas de divergência genética obtidas a partir do coeficiente de parentesco, não foi verificada correlação entre f e Distância Generalizada de Mahalanobis, a partir de dados morfométricos. Houve correlação moderada ($r = 0,46$) entre as estimativas de f e a divergência genética obtida da literatura através do uso de marcadores moleculares (RFLP). Neste caso, as duas metodologias apresentaram eficiência prática semelhante, uma vez que entre as combinações mais divergentes a maioria foi coincidente.

GENETIC DIVERSITY OF SUGARCANE VARIETIES (*Saccharum* spp.)
CULTIVATED IN BRAZIL

Author: CARLOS EDUARDO LINS E SILVA PIRES

Adviser: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

SUMMARY

This research was carried out in order to determine the genetic base of the sugarcane germplasm cultivated in Brazil and the genetic divergence between the major varieties.

Based on the pedigrees of the 29 varieties studied, the Malécot's coefficient of parentage was estimated, assuming that 50% of the nuclear genes came from each parent. It was considered as exceptions the interspecific crosses involving *S. officinarum* genotypes and the first two backcrosses for this species, because in F1, BC1 and BC2 generations the plants received 2/3 of the *S.officinarum* genome and 1/3 of the other parental genome.

In the genetic constitution of the varieties were identified 15 primitive ancestors representing three species. The contribution of ten *S. officinarum* ancestors was about 84% of the gene pool; and, four of these ancestors contributed with 59% of the gene pool. The genetic

contribution of three *S. barberi* ancestors and two *S. spontaneum* ancestors was 8.63% and 7.00%, respectively. Therefore, these results indicated that the genetic base of the varieties studied is narrow.

Based on morphometric data from three harvests of two experiments which were developed in different sites, genetic divergence between 16 varieties was quantified by the General Mahalanobis Distance (D^2). The estimates were not consistent when environmental variation was considered and it was probably due to GxE interaction. Strong correlation ($r > 0.78$) was found between estimates obtained from four multivariate methods.

Genetic divergence based on the coefficient of parentage of each pair from the 29 varieties showed strong correlation ($r = 0.97$) between estimates obtained when it was considered no relationship between primitive ancestors (f : starting with coefficient of parentage $f=0$) and those ones obtained when the ancestors were assumed as related (f_a : starting with RFLP's estimates and adding the f value). However, the f values varied in a wider range than f_a 's ones, possibiliting thus a better discrimination of the results. The largest genetic divergence was verified between Co331 and Co997 ($f = 0.014$), while the narrowest one was that occurred between NA56-79 and its descendents RB725828, SP71-799, SP71-1406, SP71-6163 ($f = 0.673$). For each variety could be achieved at least one pair that shows genetic

divergence. The mean coefficient of parentage varied from $f = 0.115$ (Co331) to $f = 0.389$ (NA56-79).

There was no correlation between genetic divergence estimates based on f and D^2 . A moderate correlation ($r = 0.46$) was found between the estimates of f and RFLP data obtained from literature; in this case the methods showed similar practical effectiveness in detecting the majority of divergent pairs.

1. INTRODUÇÃO

A cultura da cana-de-açúcar constitui um fator de grande importância econômica e social no Brasil. Ocupando cerca de quatro milhões de hectares, gera mais de um milhão de empregos diretos e tem capacidade para processar, através de suas 396 unidades industriais, cerca de 232 milhões de toneladas de cana convertidas na produção de 12,4 bilhões de litros de álcool e oito milhões de toneladas de açúcar (MARANHÃO, 1991).

Este potencial agrícola e a dimensão sócio-econômica da cultura da cana-de-açúcar no país demandou a criação, no final da década de 60, de dois programas de melhoramento da cana-de-açúcar, Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (PLANALSUCAR) e da Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Alcool do Estado de São Paulo (COPERSUCAR), além da reativação do programa do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). Isto contribuiu significativamente para o aumento da produtividade agroindustrial e para a diminuição dos custos de produção.

As novas variedades de cana-de-açúcar obtidas

por esses programas de melhoramento ocupam hoje mais de 90% da área cultivada comercialmente, contribuindo de forma decisiva para que o setor canavieiro alcance os níveis atuais de produtividade. Sabe-se, entretanto, que a exemplo dos programas de melhoramento conduzidos em outros países, novos aumentos de produtividade tornam-se mais difíceis de serem obtidos, quando os programas estão baseados na exploração de uma variabilidade genética gerada a partir de poucos ancestrais.

Neste sentido, alguns autores, bem como alguns programas enfatizam que novos avanços só poderão ser alcançados a partir da ampliação da base genética, da escolha de parentais geneticamente divergentes e com alto potencial produtivo, e do uso de novas técnicas de seleção.

No Brasil, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar têm se detido no inter cruzamento de variedades, cuja escolha era, e continua sendo feita, basicamente em função do seu comportamento per se e/ou das taxas de seleção obtidas ao longo do tempo. Entretanto, quando esses procedimentos ocorrem entre variedades de genealogias similares, reduzem sensivelmente a possibilidade de se explorar adequadamente a heterose através de híbridos clonais comerciais.

O melhoramento genético moderno requer cruzamentos entre parentais produtivos e divergentes geneticamente, para se obter maior efeito heterótico e maior

variabilidade nas gerações segregantes. Geralmente, a avaliação do potencial produtivo dos parentais é feita através de testes experimentais conduzidos em anos e locais diferentes. A dificuldade maior fica por conta da estimativa da divergência genética entre os mesmos.

Tradicionalmente, os métodos quantitativos baseados em cruzamentos dialélicos propostos por GRIFFING (1956) e GARDNER & EBERHART (1966) são utilizados para avaliar a capacidade dos parentais em produzir cruzamentos superiores. Atualmente, vários métodos que possibilitam a estimativa de divergência genética a partir da performance **per se** dos parentais estão sendo pesquisados, entre os quais aqueles que utilizam a técnica multivariada, os métodos baseados no coeficiente de parentesco e aqueles baseados em marcadores moleculares.

A necessidade de um estudo mais aprofundado da constituição e da divergência genética entre as variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, no sentido de promover informações que facilitem aos programas de melhoramento superar os níveis atuais de produtividade, motivou a realização do presente trabalho, que teve como objetivos principais:

a) estimar a magnitude da base genética das principais variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil;

b) avaliar a divergência genética entre as

principais variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil;

c) estudar a relação entre diferentes métodos de avaliar divergência genética em cana-de-açúcar.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Genética, citogenética e melhoramento

Durante longo tempo, acreditava-se que a cana-de-açúcar se reproduzia apenas por propagação vegetativa. O melhoramento genético era, naquela época, baseado na introdução de novas formas nativas retiradas dos seus centros de origem. Pensava-se que o florescimento em cana-de-açúcar era um apêndice do colmo, até o momento em que se noticiou a germinação de sementes sexuadas em condições naturais.

A fertilidade sexual da cana-de-açúcar foi descoberta, segundo BERDING & ROACH (1987), por J.W. Parris, em Barbados no ano de 1857 e redescoberta por Soltweld em Java em 1885, e por Harrison e Bovell em 1888, em Barbados. Entretanto, MACHADO JUNIOR (1987) cita que, no Brasil, em 1842, Peixoto Lima já observara que a cana-de-açúcar também se reproduzia por sementes sexuadas. Porém, este fato não é considerado na literatura estrangeira.

A partir dessa descoberta, vários programas de florescimento e cruzamento foram criados em diversas

partes do mundo, revolucionando assim os procedimentos até então existentes no âmbito do melhoramento genético da cana-de-açúcar. Segundo MACHADO JUNIOR (1987), no Brasil, particularmente em Pernambuco, em 1892, o produtor Manoel Cavalcanti colheu sementes da inflorescência da cana caiana e produziu a primeira variedade.

Seguindo esse pioneirismo, foi criada já em 1910, a Estação Experimental de Escada, em Pernambuco. No decorrer do tempo, foram criadas outras estações que, a exemplo da primeira, foram aos poucos sendo desativadas. Atualmente, existem no Brasil apenas três programas de melhoramento de cana-de-açúcar: Programa do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), estabelecido na década de 40; o da COPERSUCAR estabelecido no final da década de 60; e o Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (PLANALSUCAR), estabelecido na década de 70, e que, após sua total paralização, vem aos poucos sendo reativado em determinadas regiões pelas Universidades Federais.

As variedades de cana-de-açúcar modernas são híbridos complexos sintetizados a partir das espécies *Saccharum officinarum* (canas nobres), *Saccharum barberi* (canas indianas), *Saccharum sinense* (canas chinesas), *Saccharum spontaneum* e *Saccharum robustum*. Estas duas últimas são consideradas espécies silvestres (STEVENSON, 1965).

O gênero *Saccharum*, pertencente à família

das Gramíneas e à Tribo Andropogoneae, tem passado por uma extensiva revisão taxonômica, fazendo com que os taxonomistas e evolucionistas enfrentem grandes dificuldades para limitar as espécies desse gênero. Por outro lado, os melhoristas têm, de uma forma geral, aceito a classificação proposta por Jeswiet em 1925, modificada por Brandes em 1956. Neste caso, as espécies *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. sinensi*, *S. barberi*, *S. robustum* e *S. edule* formam o gênero *Saccharum* (DANIELS & ROACH, 1987).

BERDING & ROACH (1987), revisando e discutindo a manutenção e uso do germoplasma, incluíram como sendo de interesse dos melhoristas outros gêneros fortemente relacionados com o *Saccharum*. Esses gêneros são denominados de "complexo *Saccharum*", e incluem os gêneros *Erianthus* sect. *Ripidium* Henrard, *Sclerostachya* A. Camus, *Narenga* Bor, *Miscanthus* e *Imperata*.

Na espécie *S. officinarum* são encontradas as principais variedades comerciais utilizadas na produção de açúcar antes da existência dos programas de melhoramento. Geralmente, as variedades (híbridos clonais) desta espécie são denominados de "canas nobres" e apresentam alto teor de sacarose, baixo teor de fibra, colmos longos e grossos, boa despalha natural e alta produção em condições de cultivo favorável.

Os estudos citogenéticos em cana-de-açúcar iniciados por Bremer a partir de 1920 (STEVENSON, 1965),

colaboraram de forma decisiva no entendimento dos cruzamentos interespecíficos em cana-de-açúcar, mesmo quando as técnicas citológicas eram extremamente rudimentares.

BREMER (1924) estabeleceu o número de cromossomos da espécie *S. officinarum* como sendo $2n=80$, apresentando o ponto de vista de que clones com números de cromossomos diferentes eram provavelmente híbridos. Mais tarde, DUTT & RAO (1933) também identificaram vários clones de *S. officinarum* com $2n=80$.

Os estudos de PRICE (1960) com 144 clones classificados como *S. officinarum* mostraram que, em 129 deles, o número de cromossomos típicos da espécie era $2n=80$. Os clones restantes foram considerados atípicos ou híbridos.

BREMER (1923, 1924), estudando pela primeira vez a meiose em *S. officinarum*, observou que ocorriam irregularidades e que estas variavam de célula para célula e de clone para clone. SREENIVASAN et alii (1987), baseados nos estudos sobre meiose realizados por vários autores em diferentes clones da espécie, separaram os clones em três classes:

a) clones que tinham meiose normal com formação regular de bivalentes;

b) clones que tinham baixa frequência de anormalidades meióticas avaliadas pela ocorrência de poucos univalentes;

c) clones que tinham alta frequência de

anormalidades meióticas com ocorrência de univalentes, cromossomos atrasados, pontes e anormalidades no fuso.

Dentre as espécies selvagens a *S. spontaneum* é a principal, apresentando uma morfologia extremamente variada com uma ampla capacidade de adaptação ambiental. A sua distribuição abrange as latitudes de 8 Sul a 40 Norte, estendendo-se do oeste do Afeganistão à península da Malaya, e de Taiwan até as Ilhas Orientais do Pacífico (BRANDES et alii, 1939; MUKERJEE, 1957).

Segundo MUKERJEE (1957), existem diferentes clones que apresentam adaptação a condições de estresse e altas variações de temperatura. Seus ecotipos incluem os de hábito anual, perene e semi-perene, e sua reprodução pode ser sexuada e assexuada.

PANJE & BABU (1960), apresentando um estudo sobre associação do número de cromossomos e distribuição geográfica de *S. spontaneum*, relatam inicialmente, uma revisão dos trabalhos existentes, onde se verifica que a primeira contagem de cromossomos nesta espécie foi realizada por Kuwada, em 1915, no Japão. A partir daí, vários trabalhos sobre o assunto indicam a existência de uma ampla variação no número de cromossomos dentro da espécie. Com base nessas informações, estes autores estudaram o número de cromossomos de 442 clones originados de três setores. O setor Oeste, que inclui as regiões da África com o

Mediterrâneo, apresentou clones com o número de cromossomos variando de $2n=112$ a 128. O setor Oriental, que inclui as regiões do Sul da Ásia com o Pacífico, apresentou clones com o número de cromossomos variando de $2n=80$ a 112. Finalmente, o setor Central (Subcontinente indiano), apresentou clones com o número de cromossomos variando de $2n=40$ a 80.

JAGATHESAN (1972), relatando seus estudos sobre *S. spontaneum*, confirmou a ampla distribuição desta espécie (África, Ásia e Sudoeste da Ásia) e a grande variação do número de cromossomos $2n=40$ a 128. SREENIVASAN & JAGATHESAN (1975), estudando a meiose nessa espécie, observaram anormalidades meióticas que incluíam pseudo-bivalentes, multivalentes, bivalentes heteromórficos ou desiguais, mosaicismo cromossômico e associações secundárias de bivalentes com fracionamento do complemento. Os autores indicam que estas anormalidades são decorrentes das interações dos diferentes genomas que constituem o complemento cromossômico. SREENIVASAN & SREENIVASAN (1984), conduzindo estudos citológicos com clones desta espécie, relataram que o número de cromossomos de clones da Índia e da Indonésia correspondiam ao padrão de distribuição geográfica indicado por PANJE & BABU (1960).

A espécie *S. robustum* foi identificada em 1928 (GRASSL, 1946) e tem a sua origem selvagem nas regiões da Nova Guiné e adjacências da Melanésia. No seu habitat natural, *S. robustum* é extremamente vigorosa, formando

touceiras bem fechadas. Os colmos podem ser eretos ou decumbentes, apresentando grandes diâmetros que aumentam nas proximidades do nó. O caule é normalmente duro como madeira e a médula interna apresenta pouco caldo e, às vezes, ocadura (STEVENSON, 1965). PRICE (1957a, 1957b; 1960 e 1965), conduzindo rigorosos estudos citológicos para esta espécie, concluiu que existem dois tipos citológicos, um com $2n=60$ e outro com $2n=80$ cromossomos. As formas ou clones que apresentavam semelhanças morfológicas e número de cromossomos diferentes eram consideradas como resultado de hibridações intraespecíficas, interespecíficas ou intergenéricas dos tipos: (*S. robustum* x *S. robustum*); e (*S. robustum* x *Miscanthus*).

PRICE (1965), relacionando o número de cromossomos com algumas características morfológicas, classificou a espécie *Saccharum robustum* em cinco tipos;

Port Moresby ($2n=80$) (colmos longos);

Goroka ($2n=80$) (colmos curtos);

Red - fleshed ($2n=60$) (colmos longos e pigmentados);

Teboe Salah ($2n=60$) (colmos longos);

Wau / Bulalo ($2n=60$) (colmos curtos).

PRICE (1965) afirma que a meiose nos clones de *S. robustum* com $2n=60$ ou $2n=80$ cromossomos ocorre, quase sempre, com muitos bivalentes e poucos univalentes ou anormalidades, sugerindo que estes tipos são euplóides. Por

outro lado, a análise meiótica em clones com números de cromossomos diferentes apresentava diferentes graus de anormalidade sugerindo, portanto, serem híbridos aneuplóides. SREENIVASAN & JALAJA (1981) relatam a ocorrência de anormalidades meióticas, em um clone com $2n=80$ cromossomos. SREENIVASAN & SREENIVASAN (1984), estudando também a meiose nesta espécie, praticamente não encontraram nenhuma anormalidade nem para as formas $2n=60$ nem para as formas $2n=80$.

As espécies *S. sinense* e *S. barberi* foram cultivadas desde os tempos mais remotos, respectivamente, na China e na Índia. Os clones destes grupos foram separados das canas nobres (*S. officinarum*) pelas características florais, morfologia dos colmos, concentração de açúcar, teor de fibra e adaptação a ambientes desfavoráveis. As duas espécies tiveram, sem dúvida, origem interespecífica ou intergenérica e por isso têm recebido um tratamento especial dos taxonomistas e evolucionistas. PATON et alii (1978), estudando estes aspectos, apresentam uma revisão sobre o assunto, confirmando, através do uso de marcadores quimicotaxonômico (flavonoid foliar), a participação de diferentes gêneros e espécies na origem desses grupos.

Na realidade, os clones pertencentes a estas espécies têm sido, quanto à sua origem, motivo de grande interesse dos especialistas no assunto. Para os melhoristas, alguns clones como "Chunnee", "Saretha" e "Uba"

estão presentes na genealogia de muitas variedades em cultivo comercial importante. No entanto, o seu uso nos programas de melhoramento é restrito em função do fraco florescimento e fertilidade das flores, o que deve estar relacionado à sua origem híbrida. Isto resulta, por conseguinte, em aneuplóides e meioses altamente irregulares (SREENIVASAN *et alii*, 1987).

A espécie *S. edule* caracteriza-se por ter uma inflorescência compactada e comestível. É considerada tradicionalmente como hortaliça e cultivada nos jardins das aldeias da Nova Guiné e Fiji. ROACH & DANIELS (1987), citando vários autores, indicam a similaridade desta espécie com *S. robustum*. GRASSL (1967) sugere que a *S. edule* consiste de dois grupos: um grupo do tipo Nova Guiné e outro do tipo Fiji. O autor conclui que a origem do primeiro grupo tem relação com a introgressão da *S. robustum* e *Miscanthus*; PRICE & DANIELS (1968) concordaram com a existência dessa relação, embora que de forma indireta. ROACH (1972) afirma existir algumas evidências sobre a possível origem híbrida desta espécie e acusa a existência de uma série de poliplóides com $2n=60$, 70 e 80 cromossomos, além da presença de clones aneuplóides. DANIELS & ROACH (1987), considerando os conhecimentos existentes atualmente, admitem que a *S. edule* pode ser o resultado da introgressão de *S. officinarum* ou *S. robustum* com outros gêneros.

Com o desenvolvimento dos híbridos em 1920,

iniciou-se uma nova era no melhoramento genético da cana-de-açúcar. A história da hibridação interespecífica em cana-de-açúcar tem sido destacada por vários autores (JESWIET, 1930; BRANDES & SARTORIS, 1936; STEVENSON, 1965) e mais recentemente por SREENIVASAN et alii (1987).

Segundo os autores mencionados, foi Soltwedel que, em 1885, na tentativa de obter resistência à doença de Sereh, cruzou canas nobres com *Erianthus arundinaceus* (Retz.). Em 1887, o mesmo pesquisador cruzou *S. spontaneum* com "Loethers", porém sem sucesso, uma vez que não obteve sementes. Em 1893, Wakker obteve as primeiras variedades de cana-de-açúcar, cruzando canas nobres com "Kassoer". Posteriormente, foi reconhecido que a "Kassoer" era um híbrido interespecífico que envolvia as espécies *S. officinarum* e *S. spontaneum*. A partir daí, muitos clones foram obtidos através de cruzamentos bem sucedidos entre "canas nobres" e "Kassoer", aumentando não somente a resistência às doenças do Sereh e Mosaico, como também a produção de açúcar por área, em relação às variedades suscetíveis cultivadas.

A partir de 1820, Kobus coletou a forma "Chunnee" (*S. barberi*) na Índia e importou para Java, onde se obteve a resistência à doença do Sereh. Em 1897, o próprio Kobus cruzou clones de *S. officinarum* com "Chunnee" pensando em combinar a alta concentração de sacarose e o alto vigor vegetativo das canas nobres com a resistência à

doença do Sereh da "Chunnee". Os híbridos obtidos mantinham a resistência a doenças mas não apresentavam aumento de produção em relação à variedade comercial "Black Cheribon". O uso do retrocruzamento dos híbridos obtidos com as canas de boa qualidade industrial permitiu alcançar os objetivos desejados.

O procedimento de cruzar as "canas nobres" *S. officinarum* com o híbrido natural "Kassoer" ou com o clone "Chunnee" (*S. barberi*), e subsequente retrocruzamento com as "canas nobres" se denomina "nobilização". Através deste processo, Jeswiet, dando continuidade aos trabalhos de Kobus, obteve o híbrido POJ2878, cujas qualidades permitiram que a mesma chegasse a ocupar cerca de 90% da área cultivada com cana em Java (BERDING & ROACH, 1987).

Em outros países, estes procedimentos tiveram início um pouco mais tarde, porém os resultados obtidos também foram bastante significativos. Como exemplo, pode ser citada a obtenção do híbrido Co205 na Estação de Coimbatore na Índia, que teve na sua origem o cruzamento do clone "Vellai" (*S. officinarum*) com o clone Coimbatore (*S. spontaneum*).

O programa de melhoramento de cana-de-açúcar desenvolvido em Java é conhecido como "Nobilização" de *S. spontaneum* por *S. officinarum*, na qual as canas de 1ª nobilização correspondem aos híbridos F1 resultantes do cruzamento entre as duas espécies, as canas de 2ª

nobilização são resultantes do primeiro retrocruzamento dos híbridos F1 com a espécie *S. officinarum*, e as canas da 3ª e 4ª nobilização resultavam do segundo e terceiro retrocruzamentos, respectivamente (BREMER, 1961).

Os híbridos interespecíficos, particularmente os que envolvem *S. officinarum* ($2n=80$) x *S. spontaneum* ($2n=112$), produziram em F1 híbridos com $2n = 136$ ($40 + 40 + 56$) cromossomos, número diferente do esperado $2n=96$ ($40 + 56$). Da mesma forma, o cruzamento entre *S. officinarum* ($2n = 80$) e *S. spontaneum* "Glagah" ou "Tabongo" ($2n=80$) resultava em híbrido com $2n=120$ cromossomos (BREMER, 1923). DUTT & RAO (1933), relataram que o cruzamento entre o clone "Vellai" ($2n=80$) da espécie *S. officinarum* e o clone "Coimbatore" ($2n = 64$) da espécie *S. spontaneum* apresentou em F1 híbridos com $2n=112$.

Segundo BHAT & GILL (1985), a peculiaridade citológica da transmissão de gametas $2n$ ocorre nos cruzamentos interespecíficos de *S. officinarum* com *S. spontaneum*. Ainda ocorre no primeiro retrocruzamento e no segundo retrocruzamento somente em algumas circunstâncias específicas quando a *S. officinarum* participa como parental feminino. De acordo com os mesmos autores, o número de cromossomos nos três estágios de "nobilização" obtidos a partir dos cruzamentos entre *S. officinarum* ($2n=80$) e *S. spontaneum* ($2n=64$), são os seguintes:

Estágio de nobilização	Geração	Nº de Cromossomos	Proporção (%)	
			S.off. : S.Spont	
I	F1	$2n=80+32=112$	71,4	28,6
II	RC1	$2n=80+56=136$	88,2	11,8
III	RC2	$2n=40+68=108$	92,6	7,4

O aumento no número de cromossomos nos híbridos tem sido atribuído à transmissão de duas séries haplóides do parental feminino *S. officinarum* e outra série do parental masculino, dando uma transmissão do tipo $(2n+n)$ cromossomos. De um modo geral, a transmissão $(2n+n)$ tem ocorrido nestes híbridos de forma predominante. ROACH (1969), estudando o assunto discutiu as conseqüências citológicas desses cruzamentos interespecíficos. O autor observou que raramente as progênes desses cruzamentos interespecíficos eram $(n+n)$. Por outro lado, também observou que nestes casos, o número de combinações entre clones das diferentes espécies era pequeno. Entretanto, ficou estabelecido ainda no mesmo trabalho, que a ampliação do número de combinação produziu variáveis freqüentes de progênes com $(2n + n)$ e $(n + n)$, ao mesmo tempo que confirmou a existência de aneuplóides.

PRICE (1957a), estudando em *S. officinarum* a transmissão gamética em autofecundação, cruzamentos intraespecíficos e cruzamentos interespecífico com

S. robustum, determinou que somente o número haplóide é transmitido. Este fato foi confirmado pelo próprio PRICE (1961), quando obteve diferentes resultados ao incluir algumas plantas aneuplóides ou plantas que apresentavam número de cromossomos muito diferentes.

Para cruzamentos recíprocos entre *S. spontaneum* e *S. officinarum*, têm sido relatado também um aumento no número de cromossomos nos híbridos, embora a freqüência desta ocorrência seja muito baixa (RAGHAVAN, 1951; NISHIYAMA, 1956; KADASAMI, 1961).

NISHIYAMA (1956), relata que os híbridos resultantes do cruzamento entre *S. officinarum* "Badila" ($2n=80$) e *S. robustum* ($2n=80$) apresentaram $2n=93$ cromossomos, estabelecendo 46 bivalentes, 5 a 6 univalentes, ocasionalmente trivalentes e uma vez ou outra quadrivalentes. Nesse estudo, o autor considerou que o número de cromossomos era superior ao esperado e resultava de uma transmissão aneuplóide.

PRICE (1961) estudou um grande número de híbridos resultantes do cruzamento de diversos clones de *S. officinarum* com clones de *S. robustum* ($2n=60$ e $2n=80$). Dos 84 híbridos estudados, apenas um apresentou o número de cromossomos diferente da transmissão esperada ($n + n$), onde $2n = 69, 70, 80$ e 81 , com ocorrência de aneuplóides. O híbrido diferente apresentou $2n = 136$ cromossomos e pode ter sua transmissão explicada como: $2n + 2n - 6$. No caso, ambos os

parentais transmitiram seus complementos somáticos menos seis cromossomos.

PRICE (1957b), observou que cruzamentos recíprocos entre *S. officinarum* ($2n=80$) e *S. robustum* ($2n=60$) produziram híbridos com $2n=70$ cromossomos, sugerindo uma transmissão do tipo $(n + n)$. Um híbrido de *S. robustum* ($2n = 60$) x *S. spontaneum* ($2n=64$) tem $2n=70$ cromossomos ou seja, transmissão tipo $(n+n)$, porém, um outro cruzamento *S. robustum* x *S. spontaneum* produziu 15 híbridos com $2n=112$ cromossomos, sugerindo uma transmissão tipo $(2n+n)$, semelhante ao cruzamento *S. officinarum* x *S. spontaneum* (PRICE, 1961).

PRICE (1957b), relatando dados sobre progênies obtidas em cruzamentos, envolvendo vários grupos de *S. sinense* com clones das espécies *S. officinarum*, *S. robustum* e *S. spontaneum*, determinou que a transmissão do número de cromossomos para as progênies era diferente. As progênies do cruzamento de *S. officinarum* x *S. sinense* (Pansahi ou Saretha) apresentaram transmissão do tipo $(2n+n)$. No caso do cruzamento recíproco entre *S. sinense* (Pansahi) x *S. officinarum*, as progênies obtidas apresentavam os tipos de transmissão $(2n+n)$ e $(n+n)$. Os demais cruzamentos só apresentavam progênies do tipo $(n+n)$.

KADASAMI (1961), estudando a transmissão do número de cromossomos em cruzamentos entre as espécies *S.*

barberi e *S. spontaneum*, determinou que os híbridos tinham o número de cromossomos $2n=78$ e a transmissão era do tipo $(n+n)$. Estes resultados têm sido confirmados pelo trabalho de JAGATHESAN (1972). Na verdade, faltam estudos para um melhor entendimento da transmissão de cromossomos quando se cruzam outras espécies com *S. barberi* e *S. sinense*.

MUKERJEE (1957), revisando a origem e distribuição do gênero *Saccharum*, demonstrou que os gêneros *Saccharum*, *Erianthus* sec. *Ripidium* Henrard, *Sclerostachya* e *Narenga* formavam um grupo de intercruzamentos denominado de "Complexo *Saccharum*". Uma revisão sobre estes gêneros realizada por DANIELS et alii (1975), incluiu o gênero *Miscanthus* e confirmou o forte relacionamento do grupo. Outros gêneros como *Sorghum*, *Imperata* e *Zea* foram considerados como aliados (SREENIVASAN et alii, 1987).

De todo modo, os cruzamentos intergenéricos exercem uma grande atração sobre os melhoristas e geneticistas interessados em obter novos cultivares mais adaptados e produtivos, através de combinações de características desejáveis existentes em gêneros diferentes. A busca da ampliação da base genética também constitui, atualmente, fonte de grande interesse dos pesquisadores.

Em cana-de-açúcar, o primeiro híbrido intergenérico foi obtido por Barber em 1913, cruzando o clone "Vellai" pertencente à espécie *S. officinarum* do gênero *Saccharum* com um clone pertencente ao gênero *Narenga*

da espécie *N. porphyrocomo*, na época denominada *Saccharum porphyrocomo* (STEVENSON, 1965).

Posteriormente, muitos autores citados por SREENIVASAN et alii (1987), obtiveram diversos híbridos intergenéricos envolvendo diferentes espécies do gênero *Saccharum* com os gêneros *Narenga*, *Sclerostachya*, *Miscanthus*, *Erianthus*, *Sorghum*, *Imperata* e *Zea*. Outros cruzamentos também foram tentados, porém com resultados mal sucedidos, como no caso do cruzamento entre a cana-de-açúcar e o bambu (RAO et alii, 1967).

No Brasil, VEIGA (1960), obteve híbridos com alto teor de fibra (23%) cruzando cana-de-açúcar com uma gamineia nativa conhecida por "cana Uba" ou "cana flexa" pertencente ao gênero *Gynerium* spp.

Ao longo desta revisão, quando apresentadas as informações sobre cruzamentos interespecíficos e intergenéricos, fica evidenciada a ocorrência de diferentes formas de transmissão cromossômica. No entanto, foi sobretudo a partir dos cruzamentos interespecíficos que surgiram as primeiras explicações a esse respeito (BREMER, 1961).

PRICE (1961) trabalhou com várias hipóteses para explicar o mecanismo de transmissão do gameta 2n através da célula ovo, entre as quais estão:

- a) formação da célula ovo não reduzida;
- b) duplicação dos cromossomos através da

endoduplicação na fase de díada ou tétrada;

c) fusão pós-meiótica de dois núcleos internos na megáspora;

d) endomitose pós-meiótica na célula ovo;

e) incompatibilidade dos gametas tipo $(n+n)$ ou uma fertilização seletiva ou, ainda, uma combinação da fertilização seletiva com partenogênese sob a avaliação diferencial dos zigotos sobreviventes dos tipos $(2n+n)$ e $(n+n)$.

f) falhas na combinação zigótica devido ao desenvolvimento de endosperma defeituoso (seleção por sobrevivência).

Na verdade, o mecanismo exato da formação da célula ovo diplóide não é unanimemente estabelecido e continua sendo motivo de discussão (NARAYANASWAMI, 1940; PRICE, 1961; BREMER, 1961; 1962).

ROACH (1969), comentando sobre o assunto acrescenta que a transmissão de gametas com número de cromossomos não reduzidos pelo parental masculino é verdadeira. Isto tem sido relatado tanto para cruzamentos intergenéricos como para cruzamentos interespecíficos. Os estudos sobre estes aspectos, porém, são relativos e limitados. O autor afirma que a questão da origem de gametas com número de cromossomos não reduzidos no gênero *Saccharum* é relativa. No entanto, reconhece que a explicação genética do tipo da transmissão é de grande valia para os melhoristas

e evolucionistas.

Desta forma, as informações apresentadas evidenciam que tanto os cruzamentos interespecíficos quanto os cruzamentos intergenéricos apresentam diferentes combinações gaméticas ($n+n$, $2n+n$, $n+2n$, $2n+2n$).

GILL & GRASSL (1986) sugerem que as informações sobre o tipo de transmissão gamética somada às evidências da ocorrência de pareamento cromossômico podem ser exploradas visando-se transferir eficientemente genes durante programas de melhoramento com cruzamentos intergenéricos.

ROACH (1989) relatou que a maioria dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar está sendo desenvolvida pelo intercruzamento de variedades originadas das hibridações iniciais realizadas há cerca de 60 anos. Estas variedades são híbridos hiterespecíficos complexos com número de cromossomos que variam de 100 a 130, sendo comuns referências a ocorrência de mosaicismo cromossômico (SREENIVASAN et alii, 1987). Os mesmos autores explicam que parte dessa variação cromossômica é resultado das dificuldades de se interpretar a configuração cromossômica em cana-de-açúcar, pelo fato dos cromossomos serem pequenos e numerosos. No Brasil, SILVAROLLA (1989), verificou que as variedades POJ2878, NA56-79, Co419, IAC68-12 e IAC68-144, não apresentaram mosaicismo cromossômico, tendo respectivamente 118, 114, 113, 112, 115 cromossomos.

Na Austrália, ROACH (1989), apresenta os primeiros resultados de um programa iniciado em 1986, com o objetivo de ampliar a diversidade genética, aumentar a produção e a resistência a algumas doenças, através do uso em cruzamentos e retrocruzamentos de novas formas selvagens do gênero *Saccharum* e de outros gêneros pertencentes ao "complexo *Saccharum*". Outros trabalhos nesta mesma direção foram apresentados por LO et alii (1986), CHEN & LO (1989) e LEGENDRE (1989).

2.2. Base genética

Embora a base genética que constitui o "complexo *Saccharum*", envolva cinco espécies do gênero *Saccharum*, outros gêneros relacionados são representados por mais 2.000 acessos formas nas coleções mundiais (BERDING & ROACH, 1987). Entretanto, a base genética explorada pelos programas de melhoramento pode ser considerada ainda bastante restrita.

ARCENEUX (1968), revisando a genealogia das modernas variedades de cana-de-açúcar, foi o primeiro a notar a estreita base genética desses híbridos. O autor salienta que, no período de 1940 a 1964, apenas 19 clones da espécie *S.officinarum* participavam da genealogia dos 350 híbridos comerciais obtidos (no período), e que apenas três desses clones estavam na genealogia de 57% dos híbridos.

DANIELS & ROACH (1987) relatam que a participação das outras espécies é ainda mais limitada. MANGELSDORF (1983) também demonstra a preocupação com a limitação da base genética, chamando a atenção para os riscos da restrita diversidade citoplasmática, que nos híbridos comerciais depende apenas do citoplasma da espécie *S. officinarum*.

É interessante assinalar que os programas de melhoramento desenvolvidos após os cruzamentos interespecíficos, embora explorando uma base genética estreita, obtiveram grandes avanços no que diz respeito à produção, à resistência a doenças, ao teor de sacarose, à precocidade, à adaptação, etc. Na verdade, estes resultados refletem a existência de uma ampla variabilidade (HOGARTH et alii, 1981).

Neste sentido, WALKER (1987) ressalta que uma variedade comercial de cana-de-açúcar, ao contrário de uma forma simples de *Saccharum*, possui um considerável estoque de variabilidade devido à sua heterozigosidade e alta ploidia. Embora, tal variabilidade possa ser explorada em cruzamentos e autofecundações, o autor aponta duas situações em que a base genética pode ser inadequada para alimentar as demandas de um programa de melhoramento da cana-de-açúcar. Primeiro, um programa pode assumir novas demandas devido ao aparecimento de uma nova doença ou à imposição de um novo critério de seleção para caracteres industriais. Segundo, após diversos ciclos de cruzamento e

seleção em um programa, os ganhos em performance (produção de colmos, teor de açúcar, resistência a doenças), tornam-se menores e de mais difícil determinação ou submetidos a alguma forma de limite com a atual base genética.

Ainda sobre o assunto, VELLO (1992a) enfatiza que uma base genética estreita pode levar a dois tipos de problemas que se referem tanto ao estabelecimento de um patamar de produtividade, tornando cada vez mais difícil a obtenção de descendentes superiores aos parentais intercruzados, quanto ao aumento da vulnerabilidade a fatores estressantes (doenças, pragas, toxidez ao alumínio, etc).

O conceito de base genética tem sido estendido, incluindo não apenas o número de ancestrais, mas também a sua contribuição genética relativa para um dado cultivar, calculada a partir do coeficiente de parentesco de Malécot (DELANNAY et alii, 1983; HIROMOTO & VELLO, 1986; SMITH et alii, 1991).

Em cana-de-açúcar, POMMER & BASTOS (1984) utilizaram uma metodologia semelhante para avaliar a base genética do programa de melhoramento genético do Instituto Agrônômico de Campinas. Foram calculadas as percentagens teóricas de transmissão de fatores genéticos de espécies de *Saccharum* na genealogia de 23 variedades IAC. Os autores verificaram que apenas as espécies *S. officinarum*, *S. spontaneum* e *S. barberi*, num total de 16 genótipos,

contribuíram para a formação das variedades, sendo a contribuição percentual da primeira da ordem de 57%, mesmo considerando que 40% dos fatores genéticos se originaram de parentais desconhecidos. Os autores concluíram que os resultados apurados levam a um estreitamento da base genética. Conclusão semelhante chegou PEIXOTO (1986), que configurou a constituição genética através do coeficiente de parentesco de 17 progênes e 13 parentais correspondentes. Estes materiais são de ampla utilização no programa de melhoramento da COPERSUCAR, incluindo 10 clones SP. O autor verificou que apenas um ancestral participou com quase 17% da constituição genética de todas as progênes avaliadas, enquanto outros sete tiveram uma contribuição em torno de 5%. Além dos ancestrais identificados, registrou-se uma contribuição genética relativa superior a 37%, referente a parentais desconhecidos. A estreita base genética comum aos parentais avaliados no trabalho, segundo o autor, contribuiu para uma redução na variabilidade genética nas progênes correspondentes, incrementando a endogamia e provocando depressão para os caracteres de produção.

A técnica de RFLP, baseada em marcadores moleculares também tem sido empregada para comparar a variabilidade genética existente em diversas espécies do "complexo *Saccharum*", visando identificar prioridades na utilização de germoplasma silvestre. BURNQUIST (1991), correlacionou 59 ancestrais de germoplasma silvestre,

representando seis espécies, com 66 híbridos comerciais, representando três programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar. As espécies consideradas mais próximas das variedades comerciais foram a *S. robustum* e a *S. officinarum*. Os resultados sugerem que a variabilidade existente nas espécies não está representada nas variedades.

A partir da década de 60, alguns países iniciaram os programas de ampliação da base genética em cana-de-açúcar, envolvendo novas formas das espécies do gênero *Saccharum* e de gêneros relacionados (BERDING & ROACH, 1987). Os resultados recentes demonstram a importância do aumento da diversidade genética nos avanços obtidos por diferentes programas em relação à produção, à longevidade da cultura, ao teor de fibra, à resistência a pragas e doenças, entre outras características (HSU & SHIH, 1989; LEGENDRE, 1989; LO & CHEN, 1989 e ROACH, 1989).

Trabalhos recentes, baseados em RFLP, evidenciaram a reduzida variabilidade citoplasmática das variedades comerciais de cana-de-açúcar e, em vista disto, novos programas de nobilitação estão sendo delineados para aproveitar a variação citoplasmática de *S. spontaneum* (BURNQUIST, 1992).

2.3. Divergência genética

Os programas de melhoramento genético de plantas que envolvem cruzamentos requerem a escolha de

parentais geneticamente divergentes, com a finalidade de se promover o efeito heterótico nas populações híbridas (VELLO, 1992b). Isto também deve proporcionar obtenção de maior variabilidade genética nas gerações segregantes. Nesses programas, as informações precisas sobre diversidade genética constituem um fator de fundamental importância. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) enfatizam que a divergência genética entre cultivares é geralmente desconhecida; complementam dizendo que, empiricamente, o único recurso para determiná-la se dá através de cruzamentos e estudos de progênies.

MIRANDA et alii (1988) referem-se a duas formas de avaliar a divergência genética, classificando-as de preditiva e quantitativa. Entre as formas de natureza quantitativa, os autores citam as análises dialélicas propostas por GRIFFING (1956) e GARDNER & EBERHART (1966). Estes métodos apresentam a vantagem de avaliar tanto a divergência genética entre os parentais quanto o comportamento dos híbridos no ambiente. Por outro lado, apresentam o inconveniente de requererem um grande número de cruzamentos, limitando, por conseguinte, o número de parentais. VELLO & PIRES (1992) apontam duas desvantagens dos métodos quantitativos: a) as restrições teóricas; b) a dificuldade de realização de cruzamentos e avaliação destes em diferentes ambientes.

Na cultura da cana-de-açúcar, apesar da

possibilidade do uso de dialélicos, as desvantagens são ainda maiores, uma vez que os híbridos atuais de natureza interespecífica, apresentam número elevado e variável de cromossomos. Isto leva a genótipos autoestéreis e macho-estéreis (PEIXOTO, 1986; HOGARTH, 1987).

Entre os métodos de natureza preditiva, MIRANDA et alii (1988) citam aqueles que relacionam a divergência das características dos parentais com o desempenho dos híbridos. Segundo VELLO & PIRES (1992), a importância da seleção de parentais com base em suas próprias performances está na economia de tempo, área, esforços e recursos. A produção pode ser estimada em testes de performance agronômica dos candidatos a parentais, havendo então a necessidade de estimação da diversidade genética entre os mesmos. Vários métodos de natureza preditiva têm sido pesquisados para se estimar a diversidade, podendo ser agrupados em: a) multivariados; b) baseados no coeficiente de parentesco; c) baseados em marcadores moleculares. A análise multivariada usa técnicas matriciais para reunir caracteres agronômicos, morfológicos, fisiológicos e, mais recentemente, caracteres marcadores eletroforéticos (isoenzimas e DNA). CRUZ (1990) relaciona vários métodos multivariados que podem ser aplicados no estudo sobre divergência genética. Entre eles destacam-se a análise de componentes principais, a análise por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. Nos métodos de análise

dos componentes principais e das variáveis canônicas, a similaridade dos indivíduos é avaliada por dispersão gráfica. Já os métodos aglomerativos ou de agrupamento diferem dos demais por exigirem que se obtenha, previamente, as medidas de similaridade ou dissimilaridade como a Distância Euclidiana, a Distância de Mahalanobis, o Coeficiente de Parentesco, entre outras.

A técnica multivariada de análise de agrupamento tem como objetivo reunir unidades amostrais em vários grupos, de tal forma que se maximizem a homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre grupos (SNEATH & SOKAL, 1973; MARDIA *et alii*, 1979 e CRUZ, 1987).

Este método envolve basicamente duas fases. A primeira se refere à estimativa da medida de similaridade ou dissimilaridade entre os indivíduos e a segunda refere-se à técnica para a formação dos grupos (BASSAB *et alii*, 1990 e CRUZ, 1990). Entre as medidas de similaridade para avaliar a divergência genética são citadas a Distância Generalizada de Mahalanobis e a Distância Euclidiana como as mais utilizadas (MARDIA *et alii*, 1979 e CRUZ, 1987). Entre as técnicas de agrupamento, é citado o método de otimização de Tocher (RAO, 1952 e CRUZ, 1990), como a mais utilizada no estudo de divergência genética. Outra técnica de agrupamento também bastante utilizada, é o método hierárquico do vizinho mais próximo (CRUZ, 1987 e BASSAB *et alii*, 1990).

O coeficiente de parentesco de Malécot

(KEMPTHORNE, 1973; FALCONER, 1987) mede a probabilidade de dois indivíduos compartilharem, ao acaso, alelos idênticos por descendência. O seu uso para estimar diversidade genética tem sido mais difundido entre espécies autógamas, como: soja (COX et alii, 1985a; VELLO et alii, 1988); trigo (COX et alii, 1985b; MURPHY et alii, 1986); aveia (SOUZA & SORRELLS, 1989); e cevada (MARTIN et alii, 1991). Em espécies alógamas, devido principalmente à maior dificuldade de serem estabelecidas as genealogias completas das linhagens, alguns ajustes metodológicos são necessários, como no caso do milho (SMITH & SMITH, 1987; MELCHINGER et alii, 1991) e da cana-de-açúcar (PEIXOTO, 1986; VELLO & PIRES, 1992). Segundo VELLO & PIRES (1992), o método do coeficiente de parentesco é o procedimento mais simples para medida da diversidade genética embasada em caracteres quantitativos.

Os marcadores moleculares de locos controladores de caracteres quantitativos (QTL), constituem a primeira estratégia para medida direta (DNA) da diversidade genética. VELLO & PIRES (1992) enumeram três técnicas que estão em uso no mapeamento e na identificação genotípica em plantas: RFLP - Restriction Fragment Length Polymorphism (KEIM et alii, 1992); RADP - Random Amplified Polymorphic DNA (FAIRBANKS et alii, 1991); DAF - DNA Amplification Fingerprinting (HILLEL, 1991). As principais vantagens do uso de métodos baseados em marcadores

moleculares são as de não precisar conhecer as genealogias dos parentais e a de se obterem estimativas de diversidade genética isentas de efeitos ambientais, esta última comum aos coeficientes de parentesco.

Diversos trabalhos têm sido conduzidos no sentido de se avaliar o grau de associação existente entre diferentes métodos preditivos de estimação da diversidade genética.

Na cultura do milho, CRUZ (1990) encontrou grande concordância ($r = 0,93$) entre quatro métodos multivariados: a) Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2); b) Distância Euclidiana Média (DEM) a partir de dados padronizados; c) DEM a partir de escores das duas primeiras variáveis canônicas; d) DEM a partir de escores dos dois primeiros componentes principais. Tal correlação é esperada quando os caracteres envolvidos são independentes.

Também em milho, alguns autores encontraram forte associação entre estimativas de diversidade genética a partir de RFLP e de coeficiente de parentesco (f). Trabalhando com 37 linhagens puras, SMITH et alii (1990) utilizaram dados de RFLP de 160 sondas, perfazendo 257 combinações de sonda/enzima de restrição e encontraram alta correlação ($r = 0,90$) com as distâncias obtidas através do f . Valor equivalente ($r = 0,91$) foi obtido por SMITH & SMITH (1991) para distâncias estimadas entre 24 híbridos de elite com genealogia conhecida e dados de RFLP com base em 38

sondas. Também LEE *et alii* (1989) encontraram coeficiente de correlação acima de 0,80. MELCHINGER *et alii* (1991), estudando as distâncias entre 32 linhagens puras de milho, encontraram $r = 0,74$ entre os dados originados de f e RFLP, estes últimos com base em 82 sondas e duas enzimas de restrição.

Em soja, KEIM *et alii* (1992), utilizaram 128 marcadores moleculares em 38 linhagens, encontrando uma correlação menor ($r = 0,55$), embora em alguns casos tenha ocorrido grande concordância entre as análises de f e RFLP. Os autores concluíram que em estudos com a cultura, são necessários, no mínimo, 65 marcadores moleculares.

A grande parte dos trabalhos sobre divergência genética, procura avaliar o grau de divergência existente no material em estudo e as suas relações com parentesco, diversidade de origem geográfica e heterose. Embora numerosos, os trabalhos que estudam divergência genética a partir de dados morfométricos e relacionam os resultados obtidos com heterose ainda não são conclusivos. Muitas vezes chegam a apresentar controvérsias entre e dentro das espécies. GHADERI *et alii* (1984) trabalhando com feijão encontraram uma relação positiva entre divergência genética e heterose. Os mesmos autores, porém, quando trabalharam com a cultura da fava não obtiveram os mesmos resultados.

Vários trabalhos com diferentes espécies

obtiveram uma relação positiva entre a divergência genética calculada com base em dados morfométricos e heterose, entre os quais se destacam as seguintes culturas: mostarda (ANAND & RAWAT, 1984); tomate (MALUF et alii, 1983); pimentão (MIRANDA et alii, 1988); e arroz (CARBONERA, 1990). Por outro lado, alguns trabalhos relatam culturas que não apresentaram a relação positiva entre os dois fatores, que são cevada (CHAUDARY & SINGH, 1975); feijão (RAMANUJAN et alii, 1974; SINGH & RAMANUJAN, 1981); e milho (SMITH & SMITH, 1989; CRUZ, 1990).

ARUNACHALAN (1981) afirma que os parentais são divergentes quando ocorre heterose. No entanto, observa-se que nem sempre se obtém heterose quando os pais são divergentes. Segundo o autor, isto ocorre porque diversos fatores contribuem para a expressão da heterose, tais como: escolha imprópria da natureza e número de caracteres, variação ambiental, falhas no experimento e tamanho da amostra. SMITH et alii (1990; 1991) encontraram alta correlação de divergência genética baseada em RFLP com produção e heterose dos híbridos F1 de milho, o que não foi confirmado por outros autores (MELCHINGER et alii, 1990; DUDLEY et alii, 1991). Na mesma cultura, as correlações estimadas por SMITH & SMITH (1989) e SMITH et alii (1990, 1991) a partir dos coeficientes de parentesco foram sempre altas ($r > 0,80$).

Outro aspecto presente nos estudos de

divergência genética diz respeito à sua relação com a diversidade de origem geográfica. As informações a este respeito, em sua maioria, relataram a inexistência de qualquer relação (KATIIYAR & SINGH, 1979; SINGH & GILL, 1984; JINDAL, 1985 e OLIVEIRA, 1989;). Por outro lado, alguns trabalhos mostraram que a divergência genética obedeceu ao padrão de distribuição geográfica das variedades (SINGH & SINGH, 1976; RAO et alii, 1981;).

Poucos foram os trabalhos apresentados sobre divergência genética com a cultura da cana-de-açúcar. PUNNIA et alii (1983) avaliaram 41 clones utilizando a análise de agrupamento. RAO et alii (1985) estudaram, através das análises de agrupamento e variáveis canônicas, o grau de divergência genética entre 51 clones de cana-de-açúcar. Ambos os trabalhos encontraram divergência genética entre os clones estudados para caracteres morfométricos.

No Brasil, VIANA (1990) utilizou a análise de agrupamento para estudar a divergência entre 20 clones de cana-de-açúcar através da Distância de Mahalanobis calculada a partir de dados morfométricos. Foi aplicado o método de otimização de Tocher para agrupar os materiais com base nos dados obtidos para três cortes, separadamente. O método não apresentou eficiência prática, possivelmente devido à interferência de fatores ambientais na expressão fenotípica dos caracteres avaliados. O autor também não encontrou associação entre divergência genética e diversidade de

origem geográfica.

BURNQUIST (1991) estudou 125 genótipos de cana-de-açúcar, compreendendo seis espécies e diversos híbridos representativos de três programas de melhoramento genético: SP = COPERSUCAR; H = Havaí; CP = Canal Point. As análises de RFLP, baseadas em 13 sondas, permitiram a avaliação de divergência entre os genótipos e da variabilidade dentro e entre espécies e de programas. Através de análises de componentes principais e de agrupamento realizadas a partir das distâncias estimadas, as espécies foram separadas em grupos distintos. Os híbridos comerciais foram agrupados próximos a *S. officinarum* e distantes de *S. spontaneum*. Segundo COPERSUCAR (s.d.), trabalho de natureza similar vem sendo desenvolvido por J.G Silva, havendo sido concluído em 1991 o mapeamento de 88 marcadores moleculares.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Base genética

Para a realização do estudo sobre a base genética da cultura da cana-de-açúcar no Brasil, considerou-se uma amostra composta por 29 variedades comerciais que, conjuntamente, ocupam mais de 90% da área cultivada no país (COPERSUCAR, s.d. e 1991; PLANALSUCAR, 1989 e SINDAÇUCAR, 1992). Dessas variedades, quatro são estrangeiras e as demais foram geradas por programas de melhoramento genético nacionais: Estação Experimental de Campos (CB), Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), PLANALSUCAR (RB) e COPERSUCAR (SP). Na Tabela 1 é apresentada a relação das variedades com seus respectivos parentais e procedências.

Inicialmente foi traçada a genealogia das variedades em estudo, com base nas informações disponíveis na literatura (DUTT & RAO 1933; PLANALSUCAR, 1982, 1985, 1988; POMMER & BASTOS, 1984; MACHADO JUNIOR & BURNQUIST, 1986; PEIXOTO, 1986; SREENIVASAN et alii, 1987; TEW, 1987), através do que foi possível alcançar os ancestrais primitivos e as respectivas espécies (Figuras 1, 2, 3, 4 e

5).

Com base nas genealogias foi calculado o coeficiente de parentesco de MALÉCOT (1969) entre uma dada variedade e cada um de seus ancestrais, caracterizando assim a constituição genética das variedades (KEMPTHORNE, 1973; FALCONER, 1987).

O coeficiente de parentesco (f) mede a probabilidade de dois indivíduos compartilharem, ao acaso, genes idênticos por descendência (VELLO & PIRES, 1992). Assim, $f=0$ indica parentesco nulo ou diversidade máxima e $f=1$ corresponde a parentesco total ou diversidade mínima.

Os limites para o coeficiente de parentesco foram estabelecidos de acordo com dois critérios:

a) o parentesco entre dois ancestrais primitivos é nulo ($f=0$);

b) o parentesco entre dois indivíduos de um clone é total ($f=1$).

O cálculo do coeficiente de parentesco (f) entre dois indivíduos correspondeu à média dos f 's entre os seus não parentais e pode ser representado pela expressão (I), considerando a genealogia geral apresentada a seguir:

(genealogia geral)

$$f_{pq} = 1/4 (f_{ac} + f_{ad} + f_{bc} + f_{bd}) \quad (I)$$

Quando ocorreu sobreposição de gerações, o valor do f entre dois indivíduos correspondeu ao parentesco médio de um indivíduo com os dois parentais do outro da geração seguinte (VELLO, 1985). Isto pode ser representado pela expressão (II), ainda com base na genealogia geral:

$$f_p = 1/2 (f_{ac} + f_{bc}) \quad (II)$$

As expressões (I) e (II) foram utilizadas admitindo-se que em um cruzamento, a descendência recebe 50% dos genes de cada um de seus respectivos parentais (DELANNAY et alii, 1983). No entanto, em cana-de-açúcar, nos cruzamentos interespecíficos entre genótipos da espécie *S. officinarum* e genótipos de *S. spontaneum* ou *S. barberi*, as plantas F1 recebem 2/3 dos genes do genótipo de *S. officinarum* e 1/3 do genótipo da outra espécie. O mesmo ainda acontece no primeiro retrocruzamento e no segundo somente em algumas circunstâncias específicas quando a *S. officinarum* participa como parental feminino (BHAT & GILL, 1985; BREMER, 1961; SREENIVASAN et alii, 1987). Neste caso, o cálculo do valor de f entre dois híbridos interespecíficos pode ser representado pela expressão (III), também com base na genealogia geral e admitindo-se que os genótipos A e C sejam de *S. officinarum* e que B e D sejam das demais espécies:

$$f_{pq} = 4/9 f_{ac} + 2/9 f_{ad} + 2/9 f_{bc} + 1/9 f_{bd} \quad (\text{III})$$

O conceito de base genética abordado incluiu o número de ancestrais, a sua contribuição genética relativa e freqüência na genealogia de uma dada variedade e também a contribuição genética das espécies de *Saccharum* para o germoplasma estudado. A contribuição genética corresponde à proporção teórica de genes transmitidos por um ancestral (DELANNAY et alii, 1983; HIROMOTO & VELLO, 1986).

A estimação da contribuição genética relativa (cgr) foi realizada de duas formas. Na primeira, os genótipos não-identificados existentes nas genealogias das variedades estudadas foram agrupados e considerados como mais um ancestral. Na segunda forma, estes mesmos genótipos foram considerados como provenientes dos ancestrais identificados, nas mesmas proporções encontradas para cada variedade. Desta forma, o cálculo da cgr correspondeu à média dos coeficientes de parentesco entre um ancestral e cada uma das variedades estudadas.

As contribuições genéticas relativas acumuladas (cga) corresponderam ao somatório das cgr dos ancestrais, as quais foram ordenadas por espécie.

Estimou-se também a freqüência relativa dos ancestrais nas genealogias (fag), onde 100% indica que um determinado ancestral participou da genealogia de todas as variedades estudadas (DELANNAY et alii, 1983).

Finalmente, calculou-se a média dos coeficientes de parentesco entre os ancestrais pertencentes a uma mesma espécie e uma dada variedade, caracterizando assim contribuição genética relativa das espécies para cada variedade estudada e para conjuntos de variedades agrupadas por procedência (CB, IAC, RB, SP e estrangeiras).

3.2. Divergência genética

Com o propósito de atender ao objetivo desta pesquisa referente à estimação da divergência genética existente entre as principais variedades de cana-de-açúcar no Brasil, foram utilizados métodos multivariados e métodos baseados no coeficiente de parentesco (f).

Na realização das análises multivariadas incluindo componentes principais, variáveis canônicas, Distância de Mahalanobis, Distância Euclidiana e análise de agrupamento, utilizou-se o programa GENES desenvolvido por CRUZ¹. Este mesmo programa também foi utilizado para as análises univariadas e estudo de correlação.

CRUZ, C.D. (Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG)
Programa para microcomputador, 1992.

3.2.1. Métodos multivariados

Para a aplicação dos métodos multivariados, foram utilizados os dados obtidos em dois experimentos instalados no Estado de São Paulo em 1984, pelo PLANALSUCAR, nas usinas São José e Santa Cruz, localizadas nos municípios de Macatuba e Américo Brasiliense, respectivamente.

A avaliação das seis características estudadas foi obtida para as 16 variedades de cana-de-açúcar, incluídas na Tabela 1, comuns aos dois experimentos, em três cortes consecutivos realizados em 1985, 1986 e 1987. Os experimentos seguiram o delineamento de blocos casualizados com três repetições. A parcela útil consistiu de cinco sulcos com 10 metros de comprimento, espaçados entre si por 1,40m. Os tratos culturais seguiram as recomendações adotadas pelas usinas em cultivos comerciais.

Os caracteres avaliados foram os seguintes:

- . Toneladas de cana por hectare (TCH): obtidos através da pesagem de todos os colmos da parcela e posterior transformação em toneladas por hectare.

- . Número de colmos por metro (NCM): corresponde ao número de colmos contidos em cada metro linear de sulco; foi obtido através da contagem de todos os colmos contidos no sulco central da parcela e posterior divisão pelo comprimento de sulco (10 metros).

. Pol % na cana (POL): corresponde à percentagem de sacarose aparente contida na cana (TANIMOTO, 1964);

. Fibra % na cana (FIB): corresponde à percentagem em peso da parte da cana não solúvel em água fria (TANIMOTO, 1964);

. Pureza do caldo (PUR) : corresponde à percentagem de POL contida nos sólidos solúveis do caldo, obtida a partir das determinações da POL e do BRIX no caldo (TANIMOTO, 1964);

. Toneladas de pol por hectare (TPH) = $1/100 (POL \times TCH)$: corresponde ao produto (POL) x (TCH) e expressa a quantidade de pol por hectare.

3.2.1.1. Análises da variância

As análises da variância para cada característica foram realizadas com o objetivo de verificar a existência de variabilidade entre as variedades estudadas. Inicialmente, foram obtidas as análises individuais para cada corte de cada experimento, de acordo com o delineamento de blocos casualizados. Em seguida, foram realizadas as análises conjuntas dos três cortes de cada experimento, de cada corte para os dois experimentos e, finalmente, para todos os cortes dos dois experimentos.

Na Tabela 2 são apresentadas as esperanças matemáticas dos quadrados médios obtidos por PIRES (1981),

utilizando o método BENNETT & FRANKLIN (1963), considerando como aleatórios os efeitos de experimentos e blocos e como fixo o efeito de variedades.

3.2.1.2. Distância de Mahalanobis

A distância generalizada (D^2), definida por MAHALANOBIS (1936), foi determinada para os dados experimentais, considerando os cortes de cada experimento individualmente. Em seguida, foram considerados os dados conjuntos dos três cortes em cada experimento, os dados conjuntos de cada corte nos dois experimentos e, finalmente, os dados de todos os cortes nos dois experimentos.

Os cálculos foram feitos de acordo com CRUZ (1987, 1990) e VIANA (1990), onde a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre dois genótipos, variedades ou clones (i e i') é expressa da seguinte forma:

$$D^2_{ii'} = (X_i - X_{i'})' \cdot S^{-1} \cdot (X_i - X_{i'})$$

em que:

$X_i - X_{i'}$: representa a diferença entre médias de dois genótipos para uma dada característica.

S : matriz de dispersão residual comum a todas as unidades amostrais i e i' .

No caso desta pesquisa, em que os dados são provenientes de experimentos com delineamento estatístico com repetição, casualização e controle local, foi utilizada como estimativa da matriz de variância e covariância dos dados originais a matriz de dispersão residual representada pela matriz de quadrados e produtos médios residuais.

$$S = \begin{bmatrix} QMR_1 & PMR_{12} & \text{-----} & PMR_{1,p} \\ PMR_{12} & QMR_2 & \text{-----} & PMR_{2,p} \\ \text{-----} & \text{-----} & \text{-----} & \text{-----} \\ PMR_{1,p} & PMR_{2,p} & \text{-----} & QMR_p \end{bmatrix}$$

Os quadrados médios residuais (QMR) foram obtidos a partir das análises da variância de cada característica e os produtos médios residuais (PMR), entre duas características, foram obtidos de acordo com KEMPTHORNE (1973), pela expressão seguinte:

$$PMR(X, Y) = \left[QMR(X + Y) - QMR(X) - QMR(Y) \right] / 2$$

A seguir, com o objetivo de verificar o grau de concordância entre as determinações da Distância de Mahalanobis para os diferentes cortes e experimentos, calculou-se o coeficiente de correlação linear de Pearson.

3.2.1.3. Distância Euclidiana

A Distância Euclidiana foi utilizada como

medida de divergência genética entre duas variedades, a partir dos dados originais padronizados, envolvendo todos os cortes dos dois experimentos deste estudo. Também, determinou-se a Distância Euclidiana Média, utilizando-se os escores dos Componentes Principais e das Variáveis Canônicas obtidas a partir dos mesmos dados originais padronizados, seguindo a metodologia de CRUZ (1990).

Os cálculos das Distâncias Euclidiana ($d_{ii'}$) e Euclidiana Média ($\Delta_{ii'}$), entre duas variedades i e i' , foram realizadas de acordo com as expressões definidas por CRUZ (1987), assim expressas:

$$d_{ii'} = \left[\sum_{j=1}^J (X_{ij} - X_{i'j})^2 \right]^{1/2}$$

$$\Delta_{ii'} = \frac{1}{\sqrt{J}} d_{ii'}$$

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij}}{s(X_j)}$$

Em que:

$d_{ii'}$: Distância Euclidiana entre pares de variedades i e i' ;

X_{ij} : Valor original de uma característica para uma variedade;

$\Delta_{ii'}$: Distância Euclidiana Média entre pares de variedades i e i' ;

J : Número de características

Z_{ij} : Valor padronizado do dado original X_{ij} ;

$S(X_j)$: Desvio padrão dos dados para o caráter j .

3.2.1.4. Análise de Agrupamento

Para a análise de agrupamento foram utilizadas as medidas de Distância de Mahalanobis, Distância Euclidiana e Distância Euclidiana Média; a partir dos escores dos Componentes Principais e dos escores das Variáveis Canônicas foi empregado o método de otimização de Tocher, citado por RAO (1952).

No método de otimização de Tocher, adota-se o critério de que a média das medidas de similaridade intragrupos deve ser menor do que as medidas intergrupos. Este método permite que a matriz de similaridade seja obtida e, conseqüentemente, seja identificado o seu menor valor, permitindo o surgimento do primeiro grupo. A partir daí, é avaliada a inclusão de novos genótipos, considerando-se os critérios citados inicialmente (CRUZ, 1987).

3.2.2. Métodos baseados no coeficiente de parentesco

Para estimar a divergência genética entre cada par das 29 variedades de cana-de-açúcar estudadas (Tabela 1), utilizou-se a metodologia adotada em soja por VELLO et alii (1988), onde o coeficiente de parentesco entre dois genótipos representa uma medida de divergência genética.

O cálculo do coeficiente de parentesco entre duas variedades foi baseado na metodologia descrita anteriormente no item 3.1.. Desta forma, a partir das genealogias (Figuras 1, 2, 3, 4 e 5) foram determinados os valores de f para cada par de variedades.

Nas variedades originadas de policruzamentos só é identificado o parental feminino. Nestes casos, o cálculo do f obedeceu aos seguintes critérios:

a) o coeficiente de parentesco entre um genótipo não-identificado e outro identificado, pertencentes à mesma geração, é igual ao coeficiente de parentesco médio obtido entre o genótipo identificado e os demais genótipos da mesma geração. No caso de pertencerem a gerações diferentes, o valor do f entre os mesmos é igual ao coeficiente de parentesco médio obtido entre o genótipo identificado e os demais genótipos pertencentes à geração do genótipo não identificado;

b) o coeficiente de parentesco entre dois genótipos não-identificados, pertencentes à mesma geração, é igual ao coeficiente de parentesco médio obtido entre todos os genótipos da mesma geração; no caso de pertencerem a gerações diferentes, o f entre eles é igual ao coeficiente de parentesco médio obtido entre todos os genótipos das duas gerações.

Em seguida, foram calculados novos valores de f , baseados numa metodologia que difere da anterior no que diz respeito à existência de parentesco entre os ancestrais primitivos. Naquela metodologia, o parentesco entre os ancestrais primitivos foi considerado nulo ($f=0$), enquanto que na metodologia em questão, o parentesco entre estes ancestrais difere de zero. A estimação desses valores de parentesco entre os ancestrais primitivos foi realizada com base na média das medidas de distância genética, obtidas entre e dentro das espécies, utilizando a técnica molecular de RFLP, conforme proposto por BURNQUIST (1991). Na Tabela 3, são apresentados os valores considerados.

Foi também estimado, para cada variedade estudada, o parentesco médio, seu desvio padrão e seu intervalo de variação, de acordo com VELLO et alii (1988).

Finalmente, os coeficientes de parentesco foram agrupados pela procedência das variedades (CB; Co; CP; IAC; NA; RB e SP), permitindo a partir daí, a determinação dos valores médios entre e dentro de cada

grupo.

3.2.3. Comparação entre métodos

3.2.3.1. Multivariado *versus* coeficiente de parentesco

O grau de concordância das estimativas da divergência genética, obtidas pelo método multivariado (Distância Generalizada de Mahalanobis) e pelo método baseado no coeficiente de parentesco entre 16 variedades, foi avaliado pelo coeficiente de correlação de Pearson.

As estimativas da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) foram obtidas a partir dos dados de análise conjunta dos dois experimentos. Já as estimativas do coeficiente de parentesco (f) referem-se às determinações deste parâmetro, descritas no item anterior.

3.2.3.2. Coeficiente de parentesco *versus* marcador molecular (RFLP)

A avaliação da relação entre as estimativas da divergência genética entre oito variedades de cana-de-açúcar, pelo método do coeficiente de parentesco e pelo método molecular do RFLP, foi também realizada pelo coeficiente de correlação de Pearson. A determinação dos

valores do coeficiente de parentesco seguiu a metodologia já descrita anteriormente. Já as estimativas da divergência genética, com base no RFLP entre as oito variedades estudadas (Tabela 4), foram aquelas obtidas previamente por BURNQUIST (1991).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Base genética

O coeficiente de parentesco de MALÉCOT (1969) entre cada ancestral primitivo e uma dada variedade, caracterizou a constituição genética das 29 variedades estudadas (Tabela 5). Os valores oscilaram entre 0 e 0,875, sendo que os mais elevados referem-se sempre ao ancestral não-identificado (0,5; 0,75; 0,875), o que decorre da freqüente utilização de policruzamentos nas últimas gerações dos programas de melhoramento. Entre os híbridos comerciais estudados, apenas nove não se originaram deste tipo de cruzamento, em que não se conhece o parental masculino. A dificuldade de se estabelecer as genealogias em espécies alógamas já havia sido comentada por VELLO & PIRES (1992). O maior valor de f encontrado para um ancestral conhecido foi 0,333.

A constituição genética das variedades, calculada a partir da consideração de que os parentais masculinos em policruzamentos são descendentes dos ancestrais identificados, revela valores obviamente mais

altos (Tabela 6), variando entre 0 e 0,444, este último verificado entre o ancestral "Black Cheribon" e três variedades nacionais. Acredita-se que estes valores estejam mais próximos da realidade do que os da tabela anterior.

Apenas 15 ancestrais primitivos contribuíram com genes para as 29 variedades consideradas neste estudo, que são bastante representativas do germoplasma em cultivo no Brasil. Este reduzido número está bem próximo daquele encontrado por outros autores que estudaram variedades nacionais ou híbridos utilizados em programas de melhoramento no país (POMMER & BASTOS, 1984; PEIXOTO, 1986).

Observa-se que nenhuma das variedades estudadas apresenta todos os ancestrais identificados em sua genealogia, sendo que RB735275, SP70-1078 e SP70-1143 tiveram apenas cinco ancestrais, enquanto que a IAC67-48 teve 14. Na média, o número de ancestrais de um dado cultivar foi de 9,1. Nota-se também que o genótipo "Kansar" (*S. barberi*) foi ancestral apenas de Co331 e de dois de seus descendentes. Pode-se verificar ainda a distinta genealogia das variedades Co331 e Co997, que apresentam apenas "Black Cheribon" (*S. officinarum*) como ancestral comum.

Observando-se a contribuição genética relativa de cada ancestral para o conjunto de 29 variedades analisadas (Tabela 7), percebe-se que a maior parcela deveu-se ao ancestral desconhecido, com 39,65%, o qual participou da genealogia de 20 variedades, caracterizando uma

reqüência relativa em torno de 69%. Tais resultados estão de acordo com a literatura (POMMER & BASTOS, 1984; PEIXOTO, 1986) e decorrem, como já citado, da utilização de policruzamentos. A Figura 6 ilustra bem esse fato.

Entre os ancestrais relacionados, dez são da espécie *S. officinarum*, três da *S. barberi* e dois da *S. spontaneum*. A maior contribuição genética foi do ancestral "Black Cheribon", que participou de todas as genealogias. A seguir vêm "Bandjarmasim Hitam" e "Loethers", também muito freqüentes (~ 90%), todos eles da espécie *S. officinarum*.

Considerando-se o ancestral não-identificado e analisando-se a contribuição genética acumulada (Tabela 7), percebe-se a participação predominante de genes da *S. officinarum*, em torno de 50%. As demais espécies apresentam uma contribuição conjunta de cerca de 10%. Estes resultados refletem o processo de nobilitação, ou seja, os retrocruzamentos de híbridos interespecíficos para *S. officinarum* no início dos programas de melhoramento e são próximos dos obtidos por POMMER & BASTOS (1984) e TAI & MILLER (1978). PEIXOTO (1986) encontrou uma contribuição acumulada desta espécie de apenas 27%. No entanto, o autor considerou o genótipo EK-28 como ancestral primitivo; já no presente trabalho, o genótipo EK-28 foi considerado como um híbrido intraespecífico de *S. officinarum*, tendo sido possível, com base na literatura citada, desenvolver sua genealogia até ancestrais mais primitivos. Se somada à

contribuição genética relativa de EK-28, a contribuição acumulada de *S. officinarum* chega a 44%; este valor, embora continue a ser mais baixo, aproxima-se do resultado encontrado no presente estudo. Um outro fator contribuiu para uma tendência de subestimar a contribuição de *S. officinarum* no trabalho de PEIXOTO (1986), que foi a não consideração da transmissão gamética diferenciada para a F1 nos cruzamentos desta espécie com *S. spontaneum* ou *S. barberi*. Este fato se repete nos dois primeiros retrocruzamentos para *S. officinarum*. A Figura 7 ilustra a contribuição genética acumulada quando se considera o ancestral não-identificado.

A alta freqüência verificada para a participação dos ancestrais (Tabela 7) denota a semelhança entre as genealogias das variedades, indicando ser bastante razoável a suposição de que os parentais não-identificados têm constituição genética similar às mesmas. De fato, sete ancestrais participaram em 80% ou mais das genealogias e apenas três tiveram uma freqüência abaixo de 50%. Portanto, consideram-se mais representativos os resultados obtidos a partir desta suposição.

Observando-se a contribuição genética relativa dos ancestrais, excluído o não-identificado, nota-se que "Black Cheribon" participou, em média, com 19,07% dos genes das 29 variedades estudadas (Tabela 7). Apenas quatro ancestrais contribuíram com 58,73% ($cgr \geq 10\%$), ou ainda,

oito deles foram responsáveis por 83,11% do germoplasma analisado ($cgr > 5\%$), quais sejam, os de letra A, B, C, D, E, F, J (*S. officinarum*) e N (*S. barberi*). Observa-se que, não obstante, apresentarem alta frequência nas genealogias, os ancestrais L e M (*S. spontaneum*) têm contribuições relativas baixas. Com relação à contribuição genética acumulada, a *S. officinarum* participou com 84,37%, cabendo 8,63% a *S. barberi* e 7,00% a *S. spontaneum*. Estes resultados são ilustrados nas Figuras 8 e 9.

A contribuição genética relativa agrupada por espécie para cada uma das variedades é apresentada na Tabela 8. Para todos os genótipos, a espécie que mais contribuiu foi a *S. officinarum*, variando de 50 a 94%. Apenas três espécies, ou sejam, *S. officinarum*, *S. spontaneum* e *S. barberi* contribuíram para o germoplasma estudado, percebendo-se a ausência de duas espécies do gênero nas genealogias, quais sejam *S. robustum* e *S. sinense*. Em todas as variedades houve sempre a participação de *S. officinarum* e *S. spontaneum*. Segundo o critério adotado por TAI & MILLER (1978), de que quanto mais alta a frequência e maior o número de espécies envolvidas em sua genealogia mais complexa é uma variedade, pode-se considerar como de maior complexidade a IAC67-48, vindo em seguida SP79-1011, IAC52-150 e IAC68-12. As de menor complexidade são CB41-76, IAC51-205, IAC69-425 e SP70-1284, todas com apenas seis ancestrais primitivos e sem participação de *S. barberi*.

Observa-se elevada contribuição de *S. barberi* na Co331 (41,67%), vindo a seguir a CB45-3 com 23,61% da referida espécie. Apenas três variedades tiveram contribuição de *S. spontaneum* acima de 10%, ou seja, IAC52-150, IAC68-12 e SP79-1011.

Os resultados de contribuição genética das espécies foram agrupados a partir da origem das variedades (Tabela 8), indicando que as variedades geradas pelos programas de melhoramento desenvolvidos no país têm, em média, uma contribuição maior de *S. officinarum* e menor de *S. barberi* do que as de origem estrangeira. Entre as variedades nacionais, percebe-se a grande semelhança entre as de sigla RB e SP. As variedades CB apresentam uma participação maior de *S. barberi* do que as demais, ocorrendo fato semelhante com as variedades de sigla IAC com relação à contribuição de *S. spontaneum*.

Apesar da ampla base genética ampla disponível no "complexo *Saccharum*", os resultados obtidos no presente estudo indicam que, para o germoplasma de cana-de-açúcar em cultivo no Brasil, a base genética explorada é restrita. Isto pode ser inferido da análise do número de espécies e de ancestrais primitivos que participam da constituição genética das variedades, assim como das contribuições genéticas relativas e freqüências nas genealogias estudadas.

4.2. Divergência genética com base em métodos multivariados

4.2.1. Análise preliminar

Para o estudo da divergência genética utilizando os métodos multivariados, realizou-se inicialmente a análise da variância dos dados experimentais, com o objetivo de verificar a existência de diferenças significativas entre as médias das 16 variedades estudadas para os caracteres: pol% na cana (POL); fibra % na cana (FIB); pureza do caldo (PUR); número de colmos por metro (NCM); toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de pol por hectare (TPH).

Os resultados das análises da variância, considerando tanto os experimentos separados como conjuntamente, encontram-se nas Tabelas 9, 10 e 11. Observa-se nas três tabelas, a existência de diferenças significativas entre médias das variedades e médias de ambientes sendo que nas Tabelas 6 e 7 os ambientes representam diferentes cortes no mesmo experimento. A importância desses resultados está no fato de serem consistentes para os seis caracteres em estudo.

A ocorrência da interação variedade x cortes (ambientes) é significativa para os caracteres NCM, TCH e TPH, nos dois experimentos. Para os caracteres POL, FIB e PUR, a interação variedades x cortes só foi significativa

para o experimento conduzido na Usina São José.

A precisão dos dois experimentos, avaliada pelos coeficientes de variação (CV%), foi considerada relativamente alta, pois os valores encontrados foram menores do que 13% e, para alguns caracteres, inferiores a 3%.

4.2.2. Baseada na Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2)

A Distância Generalizada de Mahalanobis é um parâmetro amplamente utilizado como medida de divergência genética em estudos com diferentes espécies vegetais. Em cana-de-açúcar, alguns autores utilizaram a estimativa de D^2 com o objetivo de verificar o grau e a natureza da divergência genética entre diferentes genótipos (GILL & TRIPATHI, 1983; RAO et alii, 1985; VIANA et alii, (1991).

No presente trabalho, a determinação dos valores de D^2 para diferentes grupos de dados, incluindo dois experimentos e três cortes por experimento, teve como objetivo maior verificar, através do coeficiente de correlação linear (r) de Pearson, a consistência ou repetibilidade de D^2 para os diferentes cortes e experimentos.

A Tabela 12 apresenta as estimativas de D^2 , entre 16 variedades, obtidas a partir dos dados conjuntos dos três cortes dos dois experimentos (CONJ6), dos três

cortes conjuntos de cada experimento (CONJUSJ e CONJUSC), do mesmo corte dos dois experimentos conjuntos (CONJ1, CONJ2 e CONJ3) e de cada corte em cada experimento individualmente (USJ1, USJ2, USJ3, USC1, USC2 e USC3). Entre os resultados apresentados, destacam-se os referentes ao par das variedades IAC68-12 e SP70-1143, que apresentam os maiores valores de D^2 para a maioria dos diferentes grupos de dados.

A Tabela 13 apresenta os valores dos coeficientes de correlação (r) de Pearson entre as diferentes estimativas de D^2 (Tabela 12). A mesma permite observar que os valores de (r) variam de 0,9445 a 0,1420, expressando a falta de repetibilidade entre as diferentes estimativas de D^2 . Estes resultados demonstram a falta de consistência nas estimativas de D^2 a partir de diferentes cortes e experimentos, e podem significar a falta de precisão deste parâmetro como uma medida de divergência genética entre variedades. Resultados semelhantes foram obtidos por VIANA *et alii* (1991) com 20 variedades de cana-de-açúcar.

Segundo ARUNACHALAN (1981), a falta de repetibilidade nas estimativas das medidas de divergência genética em diferentes ambientes é devida, possivelmente, ao uso de valores fenotípicos. Outros fatores também podem contribuir para isto, tais como: falhas experimentais, natureza e número de características envolvidas.

Observa-se também na Tabela 13, os valores

altos de coeficiente de correlação obtidos entre as estimativas de D^2 considerando conjuntamente os três cortes dos dois experimentos e as estimativas de D^2 obtidas de cada experimento separadamente: $r = 0,9108$ e $0,8256$. Isto pode significar que dados experimentais repetidos no tempo e no espaço podem minimizar a questão da precisão das estimativas de D^2 como medida de divergência genética entre variedades.

4.2.3. Comparação entre estimativas da divergência genética obtidas por diferentes técnicas multivariadas

Na Tabela 14, são apresentadas as medidas de divergência genética estimadas por quatro técnicas multivariadas. Os coeficientes de correlação, apresentados na Tabela 15, variaram de $0,996$ a $0,784$, o que significa que as quatro técnicas multivariadas apresentam alto grau de concordância. Esta relação é mais evidente quando se observa o valor de r entre as estimativas DE e DEM_{cp} ($r = 0,9956$) ou entre as estimativas DEM_{vc} e D^2 ($r = 0,9771$).

De acordo com CRUZ (1990), na ausência de correlação entre os caracteres estudados, os valores das estimativas da Distância de Mahalanobis devem ser iguais aos da Distância Euclidiana. Este fato deve justificar os valores um pouco menores do coeficiente de correlação entre D^2 ou DEM_{vc} com DE ou DEM_{cp} . Na Tabela 16 são apresentados

os valores das correlações residuais entre os caracteres estudados, observando-se a existência de correlação entre alguns deles: POL e PUR; POL e TPH; NCM e TCH; NCM e TPH; TCH e TPH.

As técnicas da distância generalizada e das variáveis canônicas podem ser mais eficientes na estimativa da divergência genética quando ocorrem correlações residuais entre os caracteres. A sua aplicação requer que os dados considerados obedeçam ao delineamento experimental com repetições, sendo assim possível a determinação das covariâncias residuais (CRUZ, 1990).

As técnicas da Distância Euclidiana e dos componentes principais têm sido, mais freqüentemente, empregadas na avaliação de novas introduções em bancos de germoplasma e na caracterização de indivíduos ou espécies distribuídas em ambientes naturais (CRUZ, 1990).

Os resultados das análises de agrupamento obtidos pelo método de Tocher para as quatro estimativas da divergência genética (DE , DEM_{cp} , DEM_{vc} e D^2) são apresentados nas Tabelas 17, 18, 19 e 20. Observa-se nestas tabelas que os agrupamentos formados confirmam o alto grau de concordância existente entre as estimativas da divergência genética, obtidas pelas quatro técnicas multivariadas. Verifica-se, também, a confirmação de que o grau de concordância é maior entre as DE e DEM_{cp} ou D^2 e DEM_{vc} .

4.3. Divergência genética medida com base no coeficiente de parentesco

As estimativas da divergência genética obtidas entre 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, pelo coeficiente de parentesco de Malécot, foram estabelecidas considerando a ausência de parentesco entre os ancestrais primitivos (f) e a existência de parentesco entre os ancestrais primitivos, estimado pelas distâncias RFLP (f_a). Entre os resultados apresentados na Tabela 21, observa-se que os menores valores de $f = 0,01389$ e de $f_a = 0,57276$ correspondem ao mesmo par de variedades (Co331 x Co997). Os valores máximos ($f = 0,67291$ e $f_a = 0,87123$) também correspondem aos mesmos pares de variedades: (NA56-79 x RB725828), (NA56-79 x SP71-799), (NA56-79 x SP71-1406) e (NA56-79 x SP71-6163). Ainda na mesma tabela, pode-se observar que 18 pares de variedades estão incluídas entre os 20 pares mais divergentes, tanto pelos valores de f quanto pelos valores de f_a . Esse alto grau de concordância pode ser confirmado pelo valor do coeficiente de correlação de Pearson ($r = 0,9764$) encontrado entre as estimativas de f e f_a . Apesar disso, esses valores diferem substancialmente em magnitude e intervalo de variação

Na prática, a escolha dos pares de variedades mais divergentes pode ser realizada com base tanto nos valores de f quanto nos valores de f_a . No entanto, a

estimação dos valores de f , além de não requerer a determinação do grau de parentesco entre os ancestrais primitivos, apresenta uma melhor discriminação dos resultados e dispensa o uso da técnica de RFLP, sendo portanto, mais simples e mais econômica.

Em soja, VELLO et alii (1988) sugeriram que a escolha dos parentais para cruzamentos simples seja feita sempre de acordo com o coeficiente de parentesco entre dois cultivares; os autores também recomendam que a escolha de parentais envolvidos em cruzamentos múltiplos (seleção recorrente) considere valores baixos de coeficiente de parentesco e de desvio padrão. Estas mesmas recomendações também se aplicam aos cruzamentos biparentais e múltiplos de cana-de-açúcar.

A Tabela 22 apresenta, para cada uma das 29 variedades, os valores de coeficiente de parentesco médio $\bar{f}$, seu desvio padrão $s(f)$ e os valores máximo e mínimo de f . Nela se verifica, que as variedades Co331, CB45-3 e RB765418 apresentam os menores valores de $\bar{f}$. Já a variedade NA56-79 apresenta o maior valor de $\bar{f}$, seguida das variedades RB725828, SP71-1406, SP71-799 e SP71-6163. Na mesma tabela observa-se ainda que os valores mínimos de f para cada variedade estudada, variaram de $f = 0,01390$ a $0,15249$, sendo, portanto, baixos em relação ao coeficiente de parentesco médio geral ($\bar{f} = 0,27703$). Desta forma, cada variedade estudada pode ser considerada geneticamente divergente de

pelo menos uma outra.

Na Tabela 23, são apresentados os coeficientes de parentesco médio $\bar{f}$ entre grupos de variedades formados de acordo com a sua procedência: grupo das variedades procedentes de Campos, Rio de Janeiro (CB); grupo das variedades procedentes do Instituto Agronômico de Campinas (IAC); grupo das variedades da COPERSUCAR (SP); grupo das variedades do PLANALSUCAR (RB) e grupo das variedades estrangeiras (Estr). Neste último, incluem-se as variedades Co997, Co331, CP51-22 e NA56-79, que também são apresentadas separadamente. Observa-se que os maiores valores de $\bar{f}$ dentro dos grupos referem-se àqueles formados pelas variedades SP e IAC, enquanto que os menores valores de $\bar{f}$ referem-se aos grupos das estrangeiras e às variedades CB. Já entre os grupos, os valores médios são semelhantes entre si, exceto quando se compara o grupo das variedades estrangeiras com os demais. Ainda na Tabela 23, destaca-se a variedade NA56-79 por apresentar o maior grau de parentesco médio em relação aos grupos estudados. Esta diferença é ainda mais acentuada quando se consideram as variedades do grupo das SP, confirmando a sua alta frequência na genealogia das variedades SP. Por outro lado, as variedades Co apresentam os menores valores de $\bar{f}$, indicando uma maior divergência genética em relação aos diferentes grupos.

4.4. Comparação entre estimativas da divergência genética obtidas por diferentes métodos

O presente estudo comparou as estimativas da divergência genética obtidas pelos métodos do coeficiente de parentesco e pela técnica multivariada da Distância Generalizada de Mahalanobis, utilizando o coeficiente de correlação de Pearson (r). Comparou também as estimativas obtidas pelo coeficiente de parentesco com as estimativas obtidas pela técnica molecular do RFLP.

No primeiro caso, foi determinado o coeficiente de correlação entre valores de f e D^2 para 16 variedades, identificadas anteriormente no estudo sobre os métodos multivariados. O valor encontrado de $r = -0,0582$ indica claramente não existir qualquer relação entre as duas estimativas. VIANA et alii (1991), encontrou resultados semelhantes trabalhando com cana-de-açúcar. O autor relata que o agrupamento das variedades pelo método de Tocher, com base nas estimativas de D^2 , não apresentou relação com as suas genealogias. Em milho, SMITH & SMITH (1989), estudando a divergência genética entre linhagens elites, encontraram uma relação aleatória entre D^2 e f . A explicação mais freqüente sobre este tipo de relação existente entre estas duas formas de estimar a divergência, refere-se à ocorrência de interações dos caracteres com o ambiente. De fato, no presente estudo verificou-se através

da análise conjunta (Tabela 11) a existência de interações entre as variedades e os ambientes para todos os caracteres estudados.

Na Tabela 24 são apresentadas as estimativas da divergência genética entre oito variedades obtidas pelo método do coeficiente de parentesco (f) e a partir de escores baseados na técnica do RFLP, previamente apresentados por BURNQUIST (1991). O valor do coeficiente de correlação entre as duas estimativas ($r = 0,4609$) representa a existência de uma moderada relação entre os métodos. No entanto, ainda na mesma tabela, verifica-se que entre os dez pares de variedades mais divergentes oito pares são comuns aos dois métodos.

Em soja, KEIM et alii (1992) obtiveram coeficiente de correlação entre os dois métodos semelhante ao deste estudo ($r = 0,55$). Na cultura do milho, diversos trabalhos sobre divergência genética determinaram uma relação mais forte entre f e RFLP, encontrando coeficientes de correlação que variaram de $r = 0,74$ a $0,91$. (SMITH & SMITH, 1987 e 1989; LEE et alii, 1989; e MELCHINGER et alii, 1990).

O uso do coeficiente de parentesco como estimativa da divergência genética entre dois parentais é, de acordo com VELLO & PIRES (1992), o procedimento mais simples quando se considera caracteres quantitativos. Por outro lado, em espécies alógamas, cujas genealogias são

normalmente incompletas, alguns ajustes metodológicos são necessários. Neste estudo, os ajustes realizados para o caso de genealogias incompletas foram suficientes para a discriminação dos parentais mais divergentes.

O método baseado na técnica do RFLP apresenta como principais vantagens, os fatos de não se precisar conhecer as genealogias dos parentais e de se obterem estimativas isentas dos efeitos ambientais. Por outro lado, as estimativas das divergências genéticas com base em caracteres quantitativos, requerem um número de marcadores genéticos representativos do genoma. Desta forma, a associação apenas moderada encontrada entre as estimativas da divergência genética a partir de f e de RFLP, deve estar relacionada com uma amostragem pouco representativa do genoma, isto é, pela utilização de poucos marcadores genéticos. Na cultura do milho, onde se encontrou uma relação forte entre f e RFLP, foi utilizado um número muito maior de marcadores genéticos.

5. CONCLUSOES

A partir dos resultados obtidos neste estudo, pôde-se chegar às seguintes conclusões:

a) a base genética das variedades estudadas é restrita, considerando-se o número de acesso disponíveis nos bancos de gemoplasma;

b) a contribuição genética relativa com base no coeficiente de parentesco, obtida a partir da consideração de que os parentais não-identificados têm constituição genética similar às variedades de cada geração, é mais representativa do que aquela obtida reunindo-se todos os parentais não-identificados em um ancestral adicional;

c) as estimativas de divergência genética em cana-de-açúcar obtidas através da Distância Generalizada de Mahalanobis, com base em dados morfométricos, diferem em função das condições ambientais;

d) as estimativas de divergência genética obtidas através dos diferentes métodos multivariados estudados, com base em dados morfométricos, apresentam forte correlação entre si;

e) as estimativas de divergência genética,

obtidas através do coeficiente de parentesco, considerando-se os ancestrais primitivos relacionados ou não-relacionados, apresentam forte correlação entre si, sendo que o segundo critério possibilita uma melhor discriminação entre os resultados;

f) de acordo com o método baseado no coeficiente de parentesco, as variedades Co331 e NA56-79 são, respectivamente, as que apresentam maior e menor divergência das demais, e cada uma das variedades estudadas pode ser considerada geneticamente divergente de pelo menos uma outra;

g) com base no coeficiente de parentesco médio dentro de cada grupo, as menores divergências genéticas são as dos grupos SP e IAC, enquanto as maiores são encontradas nos grupos das CB e das ESTR. Já entre grupos, os valores médios são semelhantes, exceto quando se compara o grupo das variedades estrangeiras com os demais;

h) as estimativas de divergência genética, obtidas através do coeficiente de parentesco, não têm correlação com aquelas obtidas através da Distância Generalizada de Mahalanobis, com base em dados morfométricos;

i) as estimativas de divergência genética, obtidas através do coeficiente de parentesco, exibem moderada correlação com aquelas obtidas através de análises de RFLP. No entanto, as duas metodologias apresentam

eficiência prática semelhante, uma vez que entre as combinações mais divergentes, a maioria é coincidente.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- ANAND, I.J. & RAWAT, D.S. Genetic diversity, combining ability and heterosis in brown mustard. Indian Journal of Genetic, 44:226-34, 1984.
- ARCENEUX, G. Cultivated sugarcane of the world and their botanical derivation. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 12, 1967. Proceedings. ISSCT, 1968. p.844-54.
- ARUNACHALAN, V. Genetic distance in plant breeding. Indian Journal Genetics of Plant Breeding, New Delhi, 41(2):226-36, 1981.
- BASSAB, W. O.; MIAZAKI, E.S.; ANDRADE, D.F. Introdução à análise de agrupamentos. In: SIMPOSIO NACIONAL DE PROBABILIDADE E ESTATISTICA, São Paulo, 1990. 105p.
- BHAT, S.R. & GILL, S.S. The implication of 2n egg gametes in nobilization and breeding of sugarcane. Euphytica, Wageningen, 34:377-84, 1985.
- BENNETT, C. A. & FRANKLIN, N. L. Statistical analysis in chemistry and the chemical industry. N. Y. John Wiley & Sons, Inc., 3a. imp., 1963. 724p.
- BERDING, N. & ROACH, B.T. Germplasm collection, maintenance and use. In: HEINZ, D. (ed.). Sugarcane improvement through breeding New York, Elsevier, 1987, cap. 4, p.143-210.
- BRANDES, E. W.; SARTORIS, G. B. Sugarcane its origin and improvement. USDA Yearbook of Agriculture p.561-623, 1936.
- BRANDES, E.W.; SARTORIS, G.B.; GRASSL, C. O., Assembling and evaluating wild forms of sugarcane and related plants. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 6, 1939. Proceedings. ISSCT, 1939. p.128-54.

- BREMER, G. A. Cytological investigation of some species hybrids within the genus *Saccharum*. Genética, Hague, 5:97-148, 273-326, 1923.
- BREMER, G.A. The cytology of sugarcane. A cytological investigation of some cultivated kinds and of their parents. Genética, Hague, 5:497-525, 1924.
- BREMER, G.A. Problems in the breeding and cytology of sugarcane. I. A short history of sugarcane breeding the original forms of *Saccharum*. Euphytica, Wageningen, 10:59-78, 1961.
- BREMER, G.A. Problems in the breeding and cytology of sugarcane. V. Chromosome increase in *Saccharum* hybrids in relation to interespecific and intergeneric hybrids in other genera. Euphytica, Wageningen 11:65-80, 1962.
- BURNQUIST, W. L. Development and application of restriction fragment length polymorphism technology in sugarcane (*Saccharum* spp.) breeding. Cornell, 1991. 163p. (PHD - Cornell University).
- BURNQUIST, W.L. Ampliação da base genética no melhoramento da cana-de-açúcar. In: BANDEL, G; ANDO, A. & VELLO, N.A., ed. Ampliação da base genética e melhoramento vegetal. Piracicaba, FEALQ, ESALQ/USP, 1992, p1-5.
- CARBONERA, R. Heterose e divergência genética em genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Piracicaba, 1990. 105p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CHAUDHARY, B.D. & SINGH, V.P. Genetic divergence in some indian and exotic barley varieties and their hybrids. The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, New Delhi, 35:409-13, 1975.
- CHEN, H.W. & LO, C.C. Disease resistance and sugar content in *Saccharum* x *Miscanthus* hybrids. Taiwan Sugar Taipei 36(3):9-12. 1989.
- COPERSUCAR. Centro de Tecnologia. Censo varietal quantitativo 1990. Cadernos COPERSUCAR. Série Melhoramento, Piracicaba, 32:20, AGO. 1991.
- COPERSUCAR. Centro de Tecnologia. Relatório Anual 1991/1992. Piracicaba, s.d. 70p.
- COX, T. S.; KIANG, Y. T.; GORMAN, M. B.; RODGERS, D.M. Relationship between coefficient of parentage and

- genetic similarity indices in soybean. Crop Science, Madison. 25:529-32, 1985a.
- COX, T.S.; LOOKHART, G. L.; WALKER, D. E.; HARRELL, L.G.: ALBERT, L.D.; RODGERS, D.M. Genetic relationship among hard red winter wheat cultivars as evaluated by pedigree analysis and gliadin polyacrylamide gel electrophoretic patterns. Crop Science, Madison. 25:1058-63, 1985b.
- CRUZ, C.D. Algumas técnicas de análise multivariada no melhoramento de plantas. Piracicaba, ESALQ. Departamento de genética, 1987. 75p.
- CRUZ, C.D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Piracicaba, 1990. 188p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" /USP).
- DANIELS, J. & ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D. (ed.). Sugarcane improvement through breeding. N. York, Elsevier, 1987, cap. 2, p.7-84.
- DANIELS, J.; SMITH, P., PATON, N.H. & WILLIAMS, C.A. The origin of the genus *Saccharum*. Sugar Cane Breeder's Newsletter, Reduit, 36:24-39, 1975.
- DELANNAY, X.; RODGERS, D.M. & PALMER, R.G. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars. Crop Science, Madison. 23: 944-9, 1983.
- DUDLEY, W.J.; SAGHAIMAROOF, M.A.; RUFENER, G.K. Molecular marks and grouping of parents in maize breeding programs Crop Science, Madison. 31:718-723, 1991.
- DUTT, N.L. & RAO, K.S.S. Observations on the cytology of sugarcane. Indian Journal of Agricultural Science, New Delhi 3:37-56, 1933.
- FAIRBANKS, D.J.; ANDERSEN, W.R.; MAUGHAN, P.J. RAPD analysis for biological resource characterization: a laboratory manual. Provo, Brigham Young University, Utah 84602, 1991, 28p.
- FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, U.F.V., Imprensa Universitária, 1987. 279p.
- GARDNER, C.P. & EBERHART, S.A. A analysis and interpretation the variety cross diallel and related population. Biometrics, Washington, 22:439-52, 1966.

- GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. Crop Science, Madison, 24(1): 37-42, 1984.
- GILL, B.S. & GRASSL, C.O. Parthways of genetic transfer in intergeneric hybrids of sugarcane. Sugar Cane, Mande-
deville, 2:2-7, 1986.
- GILL, S.S. & TRIPATHI, B.K. Nature of divergence among foreign varieties of sugarcane. In: CONGRESS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 18, CUBA, 1983. Proceedings, Cuba, ISSCT, 1983. p.39-54.
- GRASSL, C.O. *Saccharum robustum* and other wild relatives of "Noble" sugar canes. J. Arnold Arbor. Harv. Univ. 27:234-52, 1946.
- GRASSL, C.O. Introgression between *Saccharum* and *Miscanthus* in New Guinea and the Pacific area. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 12, Puerto Rico, 1965. Proceedings Amsterdan, Elsevier, 1967. p.995-1003.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining abitivity in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Sciences, East Melbourne. 9:463-93, 1956.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1988. 468p.
- HILLEL, J. DNA fringeprints applied to breeding program for farm animals and domestic plants. In: SIMPOSIO INTERNACIONAL "NOVOS RUMOS DA GENÉTICA E BIOTECNOLOGIA EM PLANTAS, ANIMAIS E MICRORGANISMO NA AGROINDUSTRIA". Piracicaba, 1991. Anais. Piracicaba, ESALQ/USP, 1991, p.39-41.
- HIROMOTO, D.M. & VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 9:295-306, 1986.
- HOGARTH, D.M. Genetics of sugarcane. In: HEINZ, D.J. (ed.). Sugarcane improvement through breeding. New York, Elsevier, 1987, cap. 6, p.255-71.
- HOGARTH, D.M.; WU, K.K.; HEINZ, D.J. Estimating variance in sugarcane using a factorial cross design. Crop Science, Madison, 21:21-5, 1981.

- HSU, S.Y. & SHIH, S.C. Development of provement breeding stocker through nobilization of *Saccharum spontaneum*. In: CONGRESS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 20, São Paulo, 1989. Proceedings. São Paulo, ISSCT, 1989. v.2, p.911-7.
- JAGATHESAN, D. Cytogenetics of sugar cane. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 14, New Orleans, 1971, Proceedings. ISSCT, 1972, p.303-16.
- JESWIET, J. The development of selection and breeding of the sugarcane in Java. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 3, 1930, Proceedings ISSCT, 1930, p.44-57.
- JINDAL, S.K. Genetic divergence in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Valp.) under raified conditions. Genética Agrária, Roma, 39(1): 19-29, 1985.
- KADASAMI, P.A. Interespecific and intergeneric hybrids of *Saccharum spontaneum* L.I. Functioning of gametes Cytologia, Tokyo, 26:117-23, 1961.
- KATIHAR, R.P. & SINGH, S.P. Genetic divergence in chickpea. The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, New Delhi, 39(3):54-8, 1979.
- KEIM, P.; BEAVIS, W.; SHUPP, J.; FREESTONE, R. Evaluation of soybean RFLP marker diversity in adapted germplasm. Department of Biology, Northern Arizona University, Flagstaff AZ 860011-5640, 1992, 26p. (no prelo)
- KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. Ames, Iowa, The State University Press, 1973. 454p.
- LEE, M.; GODSHALK, E.B.; LAMKEY, K.R.; WOODMAN, W.L. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. Crop Science, Madison, 29:1067-71, 1989.
- LEGENDRE, B. L. Use of geral germplasm for sugarcane improvement in Louisiana. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 20, São Paulo, 1989. Proceedings. São Paulo, ISSCT, 1989, v.2, p.883-91.
- LO, C.C. & CHEN, Y.H. Breeding of *Saccharum miscanthus* hybrids for fibre resource. In: CONGRESS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 20, São Paulo, 1989. Proceedings. São Paulo, ISSCT, 1989. v.2, p.892-9.

- LO, C.C.; CHEN, Y. H.; HUANG, Y. J.; SHIH, S. C. Recent progress in *Miscanthus* nobilization program. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 19, Indonésia, 1986, Van Hoeve, Jakarta, 1986, p.514-21.
- MACHADO JÚNIOR, G.R. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: PARANHOS, S. B. Cana-de-açúcar cultivado e utilização. Campinas, Fundação Cargil, 1987. 2, cap.2. p.165-84.
- MACHADO JÚNIOR, G.R. & BURNQUIST, W. L. Varieties Notes (fourth revision 1986). Piracicaba, COPERSUCAR, 1986. 78p.
- MAHALANOBIS, P.C. On the generalizes distance in statistic. Proc. Natl. Inst. Sci., 2: 49-55, 1936.
- MALECOT, G. The mathematics of heredity. San Francisco, W.H. Freeman, 1969. 88p.
- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA FILHO, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F1 hybrids. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 6(3): 453-60, 1983.
- MANGELSDORF, A.J. Cytoplasmic diversity in relation to pests and pathogens. Sugarcane Breeder's Newsletter, Reduit, 45:45-9, 1983.
- MARANHAO, L.E.C. Situação econômica do setor sucroalcooleiro; perspectivas para o futuro. Maceió, 1991. 14p. (Trabalho apresentado ao Encontro Sobre a Cultura da Cana-de-Açúcar no Nordeste), Maceió, Recife, 8-9 out., 1991.
- MARDIA, K.V.; KENT, J.I.; BIBBY, J.M. Multivariate Analysis. London, Academic Press, 1979. 521p.
- MARTIN, J.M.; BLAKE, T.K.; HOCKETT, E.A. Diversity among North American spring barley cultivars based on coefficients of parentage. Crop Science, Madison, 31: 1131-7, 1991.
- MELCHINGER, A.E.; LEE, M.; LANKEY, K. R.; WODMAN, W. L. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms: relation to estimated genetic effects in maize inbreds. Crop Science, Madison, 30: 1033-40, 1990.
- MELCHINGER, A.E.; MESSMER, M.M.; LEE, M.; WOODMAN.; LANKEY, K. R. Diversity and relationships among U. S. maize inbreds revealed by restriction fragment length polymorphisms. Crop Science, Madison, 31:669-78, 1991.

- MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum*) pela divergência genética dos progenitores. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto. 40(11):929-37, 1988.
- MUKERJEE, S.K. Origin and distribution of *Saccharum*. Bot. Gaz., 119: 55-61, 1957.
- MURPHY, J.P.; COX, T.S.; RODGERS, D.M. Cluster analysis of red winter wheat cultivars based upon coefficients of parentage. Crop Science, Madison, 26: 672-6, 1986.
- NARAYANASWAMI, S. Megaporo-genesis and the origin of triploids in *Saccharum*. Indian Journal Agricultural Science., New Delhi, 10:534-51, 1940.
- NISHIYAMA, I. Basic number in the poliploidy of *Saccharum*. The Journal of Heredity, Washington. 47:91-9, 1956.
- OLIVEIRA, E.J. Análise Multivariada no Estudo da Divergência Genética entre Cultivares de Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Viçosa, MG). 1989. 91p. (Mestrado - Universidade Federal de Viçosa).
- PANJE, R.R. & BABU, C.N. Studies in *Saccharum spontaneum*. Distribution and geographical association of chromosome numbers. Cytologia, Tokyo, 25:152-172, 1960.
- PATON, N.H.; SHANNON, R.; SMITH, P. Polaroid photography: An aid to *Saccharum* chemotaxonomy. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 16, São Paulo. 1977. Proceedings, ISSCT, 1978. p.85-92.
- PEIXOTO, T.C. Estudo complementar ao melhoramento genético da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). Piracicaba, 1986. 119p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PIRES, C.E.L.S. Estabilidade fenotípica de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) nos Estados de Pernambuco e Rio Grande do Norte. Piracicaba, 1981. 72p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PLANALSUCAR. Nova variedade RB72454. Piracicaba, PLANALSUCAR, 1982. 15P.
- PLANALSUCAR. Relatório de parentesco de genótipos por ordem alfabética. Rio Largo, CPD-COONE, 1985. 184p.
- PLANALSUCAR. Novas variedades RB para a Região Centro-Sul do

- Brasil. Araras, PLANALSUCAR, 1988. 31p.
- PLANALSUCAR. Coordenadoria Regional Norte. Censo varietal 1987. Carpina, 1989. 83p.
- POMMER, C.V. & BASTOS, C.R. Genealogia de variedades IAC de cana-de-açúcar. Vulnerabilidade genética e necessidade de programas básicos de melhoramento. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 19(5):623-9, 1984.
- PRICE, S. Cytological studies in *Saccharum* and allied genera. II. Geographical distribution and chromosome numbers in *S. robustum*. Cytologia 22:40-52, 1957a.
- PRICE, S. Cytological studies in *Saccharum* and allied genera. III. Chromosome numbers in interspecific hybrids. Botanical Gazette, Chicago, 118:146-159, 1957b.
- PRICE, S. Cytological studies in *Saccharum* and allied genera. VI. Chromosome numbers in *S. officinarum* and other noble sugar canes. Hawai. Plant Record., Honolulu, 56:183-194, 1960.
- PRICE, S. Cytological studies in *Saccharum* and allied genera. VII. Maternal chromosome, transmission by *S. officinarum* in intra - and interspecific crosses. Botanical Gazette, Chicago, 122: 298-305, 1961.
- PRICE, S. Cytology of *Saccharum robustum* and related sympatric species and natural hybrids. USDA Technical Bulletin, 1337, 1965, 48p.
- PRICE, S. & DANIELS, J. Cytology of South Pacific sugarcane and related grasses; with special reference to Fiji. The Journal of Heredity, Washington, 59:141-5, 1968.
- PUNIA, M.S.; CHAUDHARY, B.S.; HOODA, R.S. Genetic divergence in sugarcane. The Indian Journal of Agricultural Sciences., New Delhi, 53(6):434-6, 1983.
- RAGHAVAN, T.S. The sugarcane of India: some cytogenetical considerations. The Journal of Heredity, Washington, 42:199-206, 1951.
- RAMANUJAM, S.; TIWARI, A. S.; MEHRA, R. S. Genetic divergence and hybrid performance in mung bean. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 45 (5):211-4, 1974.
- RAO, A. V. Advances statistical methods in biometrics

- research. New York, John Wiley and Sons, 1952. 390p.
- RAO, A. V. ALEXANDER, M. P.; KADASAMI, P. A. Intergeneric hybridization between *Saccharum* (sugarcane) and *Bambusa* (bambo). J. Indian Bot. Soc., 46:199-208, 1967.
- RAO, A.V.; PRASAD, A.S.R.; SAI KRISHMA, T.; SESHU, D.V.; SRINIVASAN, T.E Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding. New Delhi, 43(2):179-85, 1981.
- RAO, C.P.; RAHMAN, M.A.; REDDY, J.R. Genetic divergence analysis in sugarcane. Genetica Agrária. Roma, 39(3): 237-48, 1985.
- ROACH, B.T. Cytological studies in *Saccharum* chromosome transmission in interspecific and intergeneric. Crosses. In: CONGRESS OF THE SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 13; Taiwan, 1968. Proceedings. Elsevier, 1969. p.901-20.
- ROACH, B. T. Chromosome numbers in *Saccharum edule*. Cytologia. Tokyo. 37:155-61, 1972.
- ROACH, B.T. A program for sugarcane improvement from genetic diversity: background and preliminary results. In: CONGRESS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 20., São Paulo, 1989. Proceedings. São Paulo, ISSCT, 1989. v.2, p.900-10.
- ROACH, B.T. & DANIELS, J. A review of the origin and improvement of sugarcane, In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGAR CANE BREEDING WORKSHOP, São Paulo, COPERSUCAR, 1987. p.1-32.
- SILVAROLLA, M.B. Análise citologica de calos e plantas regeneradas in vitro de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp). Piracicaba, 1989. 160p. (Doutorado Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" /USP).
- SINDAÇUCAR. Censo Varietal; plantio 1991. Recife, maio 1992. 1p.
- SINGH, T.H. & GILL, S.S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. Indian Journal Genetics & Plant Breeding. New Delhi, 44(3):522-7, 1984.
- SINGH, S.P. & RAMANUJAN, S. Genetic divergence and hybrid performance in *Cicer arietinum* L. Indian Journal Genetics & Plant Breeding. New Delhi 41(2):268-76, 1981.

- SINGH, A. & SINGH, H.N. Inheritance of quantitative characters in chilli. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 36(3):420-30, 1976.
- SMITH, J.S.C. & SMITH, O. S. Association among inbred lines of maize using electrophoresis, chromatographic, and pedigree data. Theoretical and applied genetics, Berlin, 73: 654-64, 1987.
- SMITH, J.S.C. & SMITH, O.S. The description and assessment of distance between inbred lines of maize: I. The use of morphological traits as descriptors. Maydica, Bergamo, 34:141-50, 1989.
- SMITH, J.S.C. & SMITH, O.S. Restriction fragment length polymorphisms can differentiate among U.S. maize hybrids. Crop Science, Madison. 31:893-99, 1991.
- SMITH, O.S.; SMITH, J.S.C.; BOWEN, S.L.; TENBORE, R. A.; WALL, S.J. Similarities among a group of elite maize inbreds measured by pedigree, F1 grain yield, grain yield, heterosis, and RFLPs. Theoretical and applied genetics, Berlin, 80:833-40, 1990.
- SMITH, O.S.; SMITH, J. S. C.; SMITH, O.S.; BOWEN, S. L.; TENBORE, R.A.; WALL, S.J. The description and assessment of distances between inbred lines of maize. III A revised scheme for the testing of distinctiveness between inbred lines utilizing DNA RFLP. Maydica, Bergamo, 36:213-26, 1991.
- SNEATH, P. H. & SOKAL, R. R. Numerical taxonomy. The principles and practice of numeral classification. W. H. Freeman and Company, 1973. 573p.
- SOUZA, E. & SORRELLS, M. E. Pedigree analysis of North American oat cultivars released from 1951 to 1985. Crop Science, Madison, 29:595-601, 1989.
- SREENIVASAN, T.V. & JAGATHESAN, D. Meiotic abnormalities *Saccharum spontaneum* L. Euphytica, Wageningen, 24:543-9, 1975.
- SREENIVASAN, T.V. & JALAJA, N. C. Desynapsis in *Saccharum robustum*. Genetica, The Hague, 55:133-35, 1981.
- SREENIVASAN, T.V. & SREENIVASAN, J. Cytology of *Saccharum* complex from New Guinea, Indonesia and India. Caryologia, 37:351-7, 1984.
- SREENIVASAN, T.V.; AHLOOWALIA, B.S.; HEINZ, D. Cytogenetics. In: HEINZ, D. (ed.). Sugarcane improvement through

- breeding, New York, Elsevier, 1987. Cap.5 p.211-53.
- STEVENSON, G. C. Genetics and breeding of sugar cane. Longmans, London, 1965. 284p.
- TAI, P. & MILLER, J.D. The pedigree of selected Canal Point (CP) varieties of sugarcane. Journal of American Society Sugar Cane Technologists, Florida, p.34-9, 1978.
- TANIMOTO, T. The press method of cane analyses. Hawaiian planters' record, Honolulu, 57:133-50, 1964.
- TEW, T.L. New varieties. In: HEINZ, D. (ed). Sugarcane improvement through breeding, New York, Elsevier, 1987. cap.15, p.559-94.
- VEIGA, F.M. Intergeneric cross with sugarcane. IN: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 10, Hawaii, 1959. Proceedings, ISSCT, 1960. p.765-8.
- VELLO, N. A. Endogamia. Piracicaba, Instituto de Genética ESALQ/USP. 1985. 29p.
- VELLO, N.A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento da soja na ESALQ/USP. In: CAMARA, G. M. S., ed. MARCOS FILHO, J.; OLIVEIRA, E. A. M. (eds), Simpósio sobre a cultura e produtividade da soja. Piracicaba, FEALQ, 1991. Anais. FEALQ, Piracicaba, 1992a, p.60-81.
- VELLO, N.A. Contribuição do aumento da base genética para o melhoramento da soja. In: BANDEL, G.; ANDO, A.; VELLO, N.A. ed. Ampliação da base genética e melhoramento vegetal, Piracicaba, FEALQ, ESALQ/USP, 1992b, p.31-40.
- VELLO, N.A. & PIRES, C.E.L.S. Estratégias para seleção de parentais. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto. 15 (1): 45-9, 1992.
- VELLO, N.A.; HIROMOTO, D. M.; AZEVEDO FILHO, A. J. B. V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto. 11: 679-97, 1988.
- VIANA, J.M.S. Divergência genética, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.): Viçosa - U.F.V., 1990. 108p. (Mestrado - Universidade Federal de Viçosa, MG).
- VIANA, J.M.S.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; DIUDICE, R.M. Genetic divergence in sugar cane (*Saccharum* spp.) clones. Revista Brasileira de Genética,

Ribeirão Preto, 14(3):753-63, 1991.

WALKER, D.I.T. Manipulating the genetic base of sugarcane.
In: COPERSUCAR INTERNATIONAL SUGARCANE BREEDING WORKSHOP.
São Paulo, 1987, p.321-34.

Tabela 1 Variedades de cana-de-açúcar pesquisadas, seus ancestrais e suas procedências.

Número	Variedades	Parentais		Procedências
		Feminino	Masculino	
1	* CB41-76	POJ2878	x ?	Estação Experimental de Campos-BR
2	CB45-3	Co290	x Co331	Estação Experimental de Campos-BR
3	CB47-355	POJ2878	x Co413	Estação Experimental de Campos-BR
4	Co331	Co213	x Co214	Coimbatore - Índia
5	Co997	P63/32	x Co683	Coimbatore - Índia
6	CP51-22	F36-819	x CP33-372	Canal Point-USA
7	IAC51-205	POJ2878	x ?	Instituto Agronômico de Campinas-BR
8	IAC52-150	POJ2878	x Co285	Instituto Agronômico de Campinas-BR
9	* IAC58-480	POJ2878	x CP44-101	Instituto Agronômico de Campinas-BR
10	IAC64-257	Co419	x IAC49-131	Instituto Agronômico de Campinas-BR
11	* IAC67-48	CB45-3	x IAC51-205	Instituto Agronômico de Campinas-BR
12	* IAC68-12	Co419	x IAC52-179	Instituto Agronômico de Campinas-BR
13	* IAC68-144	CB40-68	x ?	Instituto Agronômico de Campinas-BR
14	* IAC69-425	CB41-58	x ?	Instituto Agronômico de Campinas-BR
15	* NA56-79	Co419	x Co419	Norte da Argentina
16	* RB72454	CP53-76	x ?	Planalsucar-BR
17	* RB725147	CB63-31	x ?	Planalsucar-BR
18	* RB725828	NA56-79	x ?	Planalsucar-BR
19	* RB735220	CB61-99	x ?	Planalsucar-BR
20	* RB735275	IAC49-131	x ?	Planalsucar-BR
21	RB765418	M253/48	x ?	Planalsucar-BR
22	RB785148	IAC47-31	x ?	Planalsucar-BR
23	* SP70-1078	IAC48-65	x ?	Copersucar-BR
24	* SP70-1143	IAC48-65	x ?	Copersucar-BR
25	SP70-1284	CB41-76	x ?	Copersucar-BR
26	* SP71-799	NA56-79	x ?	Copersucar-BR
27	* SP71-1406	NA56-79	x ?	Copersucar-BR
28	SP71-6163	NA56-79	x ?	Copersucar-BR
29	SP79-1011	NA56-79	x Co775	Copersucar-BR

* Variedades incluídas nos estudos de divergência genética por métodos multivariados.

Tabela 2 Análise conjunta da variância para S experimentos, cada um com T variedades e R repetições, considerando cortes como ambientes diferentes.

Fontes de variação	GL	$E(QM)$	QM	F
Variedades	$T-1$	$\sigma^2 + R\sigma_{ts}^2 + RS V_t$	Q_1	$Q_1 : Q_3$
Experimentos	$S-1$	$\sigma^2 + T\sigma_r^2 + TR\sigma_s^2$	Q_2	$Q_2 : Q_4$
Experimentos x Variedades	$(S-1)(T-1)$	$\sigma^2 + R\sigma_{ts}^2$	Q_3	$Q_3 : Q_5$
Blocos dentro de Experimentos	$S(R-1)$	$\sigma^2 + T\sigma_r^2$	Q_4	$Q_4 : Q_5$
Resíduo	$S(T-1)(R-1)$	σ^2	Q_5	

Onde, T : número de variedades;

S : número de experimentos;

R : número de repetições em cada experimento;

V_t : componente quadrático referente à variação genética entre variedades;

σ_s^2 : variância ambiental entre experimentos;

σ_{ts}^2 : variância correspondente à interação variedades por experimentos;

σ_r^2 : variância ambiental entre repetições;

σ^2 : variância do erro experimental.

Tabela 3 Média das distâncias genéticas entre e dentro das espécies *S. officinarum*, *S. barberi* e *S. spontaneum*, obtidas com base em RFLP (BURNQUIST, 1991).

Espécies	<i>S.officinarum</i>	<i>S. barberi</i>	<i>S.spontaneum</i>
<i>S. officinarum</i>	0,674	0,533	0,384
<i>S. barberi</i>	-	0,833	0,453
<i>S. spontaneum</i>	-	-	0,704

Obs: Os valores de *S. spontaneum* foram estimados com base na média verificada entre os dois genótipos utilizados como ancestrais.

Tabela 4 Relação de oito variedades com respectivos parentais e procedências, utilizados no estudo comparativo entre métodos de coeficientes de parentesco e de RFLP.

Variedades	Parentais		Procedências
	Feminino	Masculino	
Co290	Co221	x D74	Coimbatore - India
CP44-101	Co281	x CP11-65	Canal Point - USA
NA56-79	Co419	x Co419	Norte da Argentina
SP71-3501	CB49-260	x ?	COPERSUCAR - BR
SP71-4209	POJ2878	x ?	COPERSUCAR - BR
SP71-5986	Co775	x ?	COPERSUCAR - BR
SP71-6163	NA56-79	x ?	COPERSUCAR - BR
SP79-1011	NA56-79	x Co775	COPERSUCAR - BR

Tabela 5 Constituição genética de 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, com base no coeficiente de parentesco entre cada variedade e os seus ancestrais, considerando os genótipos não-identificados como sendo um único ancestral (NI).

Variedades	Ancestrais															
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	L	M	N	O	P	Q
CB41-76	0,056	0,146	0,146	0	0,063	0,063	0	0	0	0	0	0,028	0	0	0	0,500
CB45-3	0,139	0	0	0,167	0,000	0	0,056	0,167	0	0,167	0,069	0	0,069	0,125	0,042	0
CB47-355	0,250	0,146	0,146	0,083	0,063	0,063	0,028	0	0	0,083	0,014	0,028	0,097	0	0	0
CO331	0,167	0	0	0	0,000	0	0	0,333	0	0	0,083	0	0,083	0,250	0,083	0
CO997	0,083	0,219	0,219	0,063	0,094	0,094	0	0	0	0,063	0	0,042	0	0	0	0,125
CP51-22	0,375	0,094	0,094	0,031	0,031	0,031	0	0	0,083	0,031	0,042	0,021	0,167	0	0	0
IAC51-205	0,056	0,146	0,146	0	0,063	0,063	0	0	0	0	0	0,028	0	0	0	0,500
IAC52-150	0,056	0,073	0,073	0,083	0,031	0,031	0,028	0,167	0	0,250	0,181	0,014	0,014	0	0	0
IAC58-480	0,306	0,146	0,146	0	0,063	0,063	0	0	0,083	0	0,042	0,028	0,125	0	0	0
IAC64-257	0,167	0,115	0,115	0,083	0,031	0,031	0,028	0	0	0,083	0,014	0,028	0,056	0	0	0,250
IAC67-48	0,097	0,073	0,073	0,083	0,031	0,031	0,028	0,083	0	0,083	0,035	0,014	0,035	0,063	0,021	0,250
IAC68-12	0,083	0,146	0,146	0,083	0,063	0,063	0,028	0,083	0	0,167	0,097	0,028	0,014	0	0	0
IAC68-144	0,056	0,073	0,073	0,083	0,031	0,031	0,028	0	0	0,083	0,014	0,014	0,014	0	0	0,500
IAC69-425	0,028	0,073	0,073	0	0,031	0,031	0	0	0	0	0	0,014	0	0	0	0,750
NA56-79	0,139	0,146	0,146	0,125	0,063	0,063	0,083	0	0	0,125	0,042	0,028	0,042	0	0	0
RB72454	0,063	0,047	0,047	0	0,016	0,016	0	0	0,021	0	0,010	0,010	0,021	0	0	0,750
RB725147	0,049	0,018	0,018	0	0,008	0,008	0	0	0	0	0	0,003	0,021	0	0	0,875
RB725828	0,069	0,073	0,073	0,063	0,031	0,031	0,042	0	0	0,063	0,021	0,014	0,021	0	0	0,500
RB735220	0,028	0	0	0,083	0,000	0	0,028	0	0	0,083	0,014	0	0,014	0	0	0,750
RB735275	0,111	0,042	0,042	0	0,000	0	0	0	0	0	0	0,014	0,042	0	0	0,750
RB765418	0,049	0,018	0,182	0	0,008	0,008	0	0	0,042	0,292	0,042	0,003	0,021	0	0	0,500
RB785148	0,035	0,036	0,036	0,031	0,016	0,016	0,021	0	0	0,031	0,010	0,007	0,010	0	0	0,750
SP70-1078	0,111	0,042	0,042	0	0,000	0	0	0	0	0	0	0,014	0,042	0	0	0,750
SP70-1143	0,111	0,042	0,042	0	0,000	0	0	0	0	0	0	0,014	0,042	0	0	0,750
SP70-1284	0,028	0,073	0,073	0	0,031	0,031	0	0	0	0	0	0,014	0	0	0	0,750
SP71-799	0,069	0,073	0,073	0,063	0,031	0,031	0,042	0	0	0,063	0,021	0,014	0,021	0	0	0,500
SP71-1406	0,069	0,073	0,073	0,063	0,031	0,031	0,042	0	0	0,063	0,021	0,014	0,021	0	0	0,500
SP71-6163	0,069	0,073	0,073	0,063	0,031	0,031	0,042	0	0	0,063	0,021	0,014	0,021	0	0	0,500
SP79-1011	0,139	0,146	0,146	0,063	0,063	0,063	0,083	0,063	0	0,063	0,073	0,028	0,042	0	0,031	0

Os símbolos A, B, ... P, NI, representam os ancestrais e estão identificados na Tabela 7.

Tabela 6 Constituição genética de 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, com base no coeficiente de parentesco entre cada variedade e seus ancestrais, considerando os genótipos não-identificados como sendo descendentes dos ancestrais identificados.

Variedades	Ancestrais														
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	L	M	N	O	P
CB41-76	0,111	0,292	0,2	0	0,125	0,125	0	0	0	0	0	0,056	0	0	0
CB45-3	0,139	0	0	0,167	0	0	0,056	0,167	0	0,167	0,069	0	0,069	0,125	0,042
CB47-355	0,250	0,146	0,146	0,083	0,063	0,063	0,028	0	0	0,083	0,014	0,028	0,097	0	0
CO331	0,167	0	0	0	0	0	0	0,333	0	0	0,083	0	0,083	0,250	0,083
CO997	0,095	0,250	0,250	0,071	0,107	0,107	0	0	0	0,071	0	0,048	0	0	0
CP51-22	0,375	0,094	0,094	0,031	0,031	0,031	0	0	0,083	0,031	0,042	0,021	0,167	0	0
IAC51-205	0,111	0,292	0,292	0	0,125	0,125	0	0	0	0	0	0,056	0	0	0
IAC52-150	0,056	0,073	0,073	0,083	0,031	0,031	0,028	0,167	0	0,250	0,181	0,014	0,014	0	0
IAC58-480	0,306	0,146	0,146	0	0,063	0,063	0	0	0,083	0	0,042	0,028	0,125	0	0
IAC64-257	0,222	0,153	0,153	0,111	0,042	0,042	0,037	0	0	0,111	0,019	0,037	0,074	0	0
IAC67-48	0,130	0,097	0,097	0,111	0,042	0,042	0,037	0,111	0	0,111	0,046	0,019	0,046	0,083	0,028
IAC68-12	0,083	0,146	0,146	0,083	0,063	0,063	0,028	0,083	0	0,167	0,097	0,028	0,014	0	0
IAC68-144	0,111	0,146	0,146	0,167	0,063	0,063	0,056	0	0	0,167	0,028	0,028	0,028	0	0
IAC69-425	0,111	0,292	0,292	0	0,125	0,125	0	0	0	0	0	0,056	0	0	0
NA56-79	0,139	0,146	0,146	0,125	0,063	0,063	0,083	0	0	0,125	0,042	0,028	0,042	0	0
RB72454	0,250	0,188	0,188	0	0,063	0,063	0	0	0,083	0	0,042	0,042	0,083	0	0
RB725147	0,389	0,146	0,146	0	0,063	0,063	0	0	0	0	0	0,028	0,167	0	0
RB725828	0,139	0,146	0,146	0,125	0,063	0,063	0,083	0	0	0,125	0,042	0,028	0,042	0	0
RB735220	0,111	0	0	0,333	0	0	0,111	0	0	0,333	0,056	0	0,056	0	0
RB735275	0,444	0,167	0,167	0	0	0	0	0	0	0	0	0,056	0,167	0	0
RB765418	0,097	0,036	0,036	0	0,016	0,016	0	0	0,083	0,583	0,083	0,007	0,042	0	0
RB785148	0,139	0,146	0,146	0,125	0,063	0,063	0,083	0	0	0,125	0,042	0,028	0,042	0	0
SP70-1078	0,444	0,167	0,167	0	0	0	0	0	0	0	0	0,056	0,167	0	0
SP70-1143	0,444	0,167	0,167	0	0	0	0	0	0	0	0	0,056	0,167	0	0
SP70-1284	0,111	0,292	0,292	0	0,125	0,125	0	0	0	0	0	0,056	0	0	0
SP71-799	0,139	0,146	0,146	0,125	0,063	0,063	0,083	0	0	0,125	0,042	0,028	0,042	0	0
SP71-1406	0,139	0,146	0,146	0,125	0,063	0,063	0,083	0	0	0,125	0,042	0,028	0,042	0	0
SP71-6163	0,139	0,146	0,146	0,125	0,063	0,063	0,083	0	0	0,125	0,042	0,028	0,042	0	0
SP79-1011	0,139	0,146	0,146	0,063	0,063	0,063	0,083	0,063	0	0,063	0,073	0,028	0,042	0	0,031

Os símbolos A, B,...P, representam os ancestrais e estão descritos na Tabela 7.

Tabela 7 Identificação; contribuição genética relativa (cgr) e contribuição genética acumulada (cga), por dois métodos (a,b); frequência absoluta (fag) e frequência relativa (frg) do ancestral em 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil.

Letra	Ancestral	Espécie	Método 1 <u>a/</u>		Método 2 <u>b/</u>		fag %	frg %
			cgr %	cga %	cgr %	cga %		
A	Black Cheribon	<i>S.officinarum</i>	10,54	10,54	19,07	19,07	29	100,00
B	Bandjarmasin Hitan	<i>S.officinarum</i>	8,10	18,64	14,85	33,92	26	89,65
C	Loethers	<i>S.officinarum</i>	8,10	26,74	14,85	48,77	26	89,65
D	White Transparent	<i>S.officinarum</i>	4,53	31,27	7,08	55,85	17	58,62
E	Lahaina	<i>S.officinarum</i>	3,18	34,45	5,45	61,30	23	79,31
F	Fidji	<i>S.officinarum</i>	3,18	37,63	5,45	66,75	23	79,31
G	Kaludai Boothan	<i>S.officinarum</i>	2,08	39,71	3,32	70,07	15	51,72
H	Striped Mauritius	<i>S.officinarum</i>	3,09	42,80	3,19	73,26	06	20,69
I	Ashy Mauritius	<i>S.officinarum</i>	0,79	43,59	1,15	74,41	04	13,79
J	<i>Saccharum officinarum</i> (cv.desconhecido)	<i>S.officinarum</i>	6,39	49,98	9,96	84,37	18	62,07
L	<i>Saccharum spontaneum</i> (Coimbatore)	<i>S.spontaneum</i>	2,98	52,96	3,87	88,24	20	68,97
M	<i>Saccharum spontaneum</i> (Java)	<i>S.spontaneum</i>	1,64	54,60	3,13	91,37	26	89,65
N	Chunnee	<i>S.barberi</i>	3,63	58,23	6,40	97,77	24	82,76
O	Kansar	<i>S.barberi</i>	1,51	59,74	1,59	99,36	03	10,34
P	Saretha	<i>S.barberi</i>	0,61	60,35	0,64	100,00	04	13,79
NI	Não identificado	<i>Saccharum</i> spp	39,65	100,00	-	-	20	68,96

a/

Método 1: considerando-se os genótipos parentais não-identificados nas genealogias onde ocorrem polí-cruzamentos como se fossem um único ancestral.

b/

Método 2: considerando-se que a constituição genética do ancestral não-identificado envolva participa-ções dos ancestrais identificados nas mesmas proporções médias verificadas.

Tabela 8 Contribuição genética relativa de espécies de *Saccharum* para cada variedade estudada e valores médios por procedência das variedades.

Variedades		<i>S. officinarum</i>	<i>S. spontaneum</i>	<i>S. barberi</i>
1	CB41-76	94,44	5,56	0,00
2	CB45-3	69,45	6,94	23,61
3	CB47-355	86,11	4,17	9,72
4	Co331	50,00	8,33	41,67
5	Co997	95,24	4,76	0,00
6	CP51-22	77,08	6,25	16,67
7	IAC51-205	94,44	5,56	0,00
8	IAC52-150	79,17	19,44	1,39
9	IAC58-480	80,56	6,94	12,50
10	IAC64-257	87,03	5,56	7,41
11	IAC67-48	77,78	6,48	15,74
12	IAC68-12	86,11	12,50	1,39
13	IAC68-144	91,66	5,56	2,78
14	IAC69-425	94,44	5,56	0,00
15	NA56-79	88,89	6,94	4,17
16	RB72454	83,34	8,33	8,33
17	RB725147	80,55	2,78	16,67
18	RB725828	88,89	6,94	4,17
19	RB735220	88,88	5,56	5,56
20	RB735275	77,77	5,56	16,67
21	RB765418	86,80	9,03	4,17
22	RB785148	88,89	6,94	4,17
23	SP70-1078	77,77	5,56	16,67
24	SP70-1143	77,77	5,56	16,67
25	SP70-1284	94,44	5,56	0,00
26	SP71-799	88,89	6,94	4,17
27	SP71-1406	88,89	6,94	4,17
28	SP71-6163	88,89	6,94	4,17
29	SP79-1011	82,64	10,07	7,29
Média CB		83,33	5,56	11,11
Média IAC		86,40	8,45	5,15
Média RB		85,02	6,45	8,53
Média SP		85,61	6,80	7,59
Média Var. nacionais		85,45	7,08	7,50
Média Var. estrangeiras		77,80	6,57	15,63
Média geral		84,37	7,00	8,63

Tabela 9 Resumo das análises conjuntas da variância de seis características em 16 variedades de cana-de-açúcar avaliadas em três cortes (ambientes) do experimento instalado na Usina Santa Cruz (Américo Brasileiro-SP).

FV	GL	QMs					
		POL	FIB	PUR	NCM	TCH	TPH
Variedades (V)	15	9,4966 ^{##}	8,5519 ^{##}	44,6667 ^{##}	40,3047 ^{##}	4.406,867 ^{##}	100,5341 ^{##}
Ambientes (A)	2	60,2285 ^{##}	8,7988 ^{##}	140,4375 ^{##}	9,6484 ^{##}	56.708,63 ^{##}	661,4238 ^{##}
(V x A)	30	1,0833ns	0,3298ns	6,1083ns	4,9871 ^{##}	587,25 ^{##}	18,7401 ^{##}
Resíduos	90	0,86875	0,3195	3,7778	1,0249	116,2556	4,1971
Média		15,3296	11,1182	87,9442	11,2344	129,0766	19,5022
Unid. de aval.do caráter		%	%	%	ng	f/ha	t pol/ha
CV %		6,0802	5,0842	2,2101	9,0113	8,3533	10,5049

#,##: Significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade respectivamente

Tabela 10 Resumo das análises conjuntas da variância de seis características em 16 variedades de cana-de-açúcar avaliadas em três cortes (ambientes) de um experimento instalado na Usina São José (Macatuba-SP).

FV	GL	QMs					
		POL	FIB	PUR	NCM	TCH	TPH
Variedades (V)	15	7,1802 ^{##}	9,8728 ^{##}	26,5667 ^{##}	22,4376 ^{##}	1.291,996 ^{##}	38,8163 ^{##}
Ambientes (A)	2	30,0996 ^{##}	18,6113 ^{##}	81,0625 ^{##}	8,2183 ^{##}	2.911,906 ^{##}	45,0244 ^{##}
(V x A)	30	0,7914 ^{##}	0,4558 ^{##}	5,2250 ^{##}	28,463 ^{##}	248,1687 ^{##}	6,4977 ^{##}
Resíduos	90	0,2668	0,2714	2,9292	0,8135	98,1687	2,6493
Média		16,1219	11,5149	90,1290	9,3799	77,9858	12,5451
Unid. de aval. do caráter		%	%	%	ng	t/ha	t pol/ha
CV %		3,2041	4,5242	1,8989	9,6159	12,7334	12,9747

#,##: Significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade respectivamente

Tabela 11 Resumo das análises conjuntas da variância de seis características em 16 variedades de cana-de-açúcar avaliadas em três cortes dos dois experimentos instalados nas usinas São José (Macatuba-SP) e Santa Cruz (Americo Brasiliense-SP), considerando cortes e locais como ambientes diferentes.

FV	GL	QMs					
		POL	FIB	PUR	NCM	TCH	TPH
Variedades (V)	15	15,8752**	17,6634**	67,8148**	57,8687**	4.303,022**	113,7613**
Ambientes (A)	5	45,1828**	13,2271**	157,7333**	56,6694**	61.435,668**	979,5516**
(V x A)	75	0,9103*	0,4665*	5,2215*	4,1081**	613,3198**	15,2132**
Resíduos	180	0,5679	0,2955	3,3481	0,9193	107,4371	3,4233
Média		15,7527	11,3166	89,0366	10,3071	103,5313	16,0236
Unid.de aval.do caráter		%	%	%	no	t/ha	t pol/ha
CV %		4,7921	4,8035	2,0551	9,3022	10,0116	11,5467

*,**: Significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade respectivamente

Tabela 12 Estimativas da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) entre 16 variedades de cana-de-açúcar, obtidas a partir dos dados experimentais (CONJ6), dos três cortes em cada experimento (CONJUSJ e CONJUSC), de cada corte dos dois experimentos conjuntos, respectivamente no primeiro, no segundo e no terceiro corte (CONJ1, CONJ2 e CONJ3) e a partir dos dados dos cortes individuais de cada experimento (USJ1, USJ2, USJ3, USC1, USC2 e USC3).

Pares de		Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2)											
Variedades		CONJ6	CONJUSJ	CONJUSC	CONJ1	CONJ2	CONJ3	USJ1	USJ2	USJ3	USC1	USC2	USC3
CB41-76	HA56-79	19,417	29,161	28,005	21,096	36,875	16,000	56,998	27,514	33,005	25,469	61,153	15,797
CB41-76	IAC58-480	19,121	39,535	25,902	20,957	50,654	15,291	38,705	58,888	49,581	42,461	69,422	13,768
CB41-76	IAC67-48	8,281	11,849	15,646	11,152	25,796	8,827	31,797	22,568	20,719	21,753	52,997	7,917
CB41-76	IAC68-12	38,184	39,616	55,540	24,661	64,822	53,457	53,007	63,983	64,303	51,711	106,731	78,006
CB41-76	IAC68-144	8,038	19,104	7,930	10,555	9,058	16,160	46,535	8,437	41,046	9,334	15,019	7,575
CB41-76	IAC69-425	18,557	19,045	34,586	33,826	30,842	13,236	18,784	40,762	17,968	75,122	48,433	26,959
CB41-76	RB72454	17,980	28,594	22,523	14,701	37,788	26,874	41,578	44,695	34,587	13,404	64,297	36,179
CB41-76	RB725147	6,985	10,615	10,763	6,498	16,534	12,751	19,114	15,314	16,820	15,162	26,825	16,731
CB41-76	RB725828	31,908	27,661	51,769	37,026	47,014	33,272	28,198	36,632	51,938	75,403	81,214	40,048
CB41-76	RB735220	10,123	18,289	14,816	15,591	19,325	7,781	23,410	20,586	22,487	18,672	36,781	8,773
CB41-76	RB735275	14,617	19,456	17,799	23,295	19,463	13,356	50,397	22,348	18,772	15,185	29,589	20,531
CB41-76	SP70-1078	31,160	53,170	36,350	32,877	49,894	40,572	101,075	53,476	84,395	33,658	63,520	42,124
CB41-76	SP70-1143	34,611	60,417	34,674	18,245	52,921	62,918	98,286	50,777	90,923	18,240	67,381	68,473
CB41-76	SP71-799	39,016	35,482	64,622	42,894	95,691	25,944	38,818	65,213	46,645	70,166	172,332	31,092
CB41-76	SP71-1406	15,115	23,213	19,049	17,136	24,638	17,626	66,057	26,423	34,480	9,978	37,114	22,004
HA56-79	IAC58-480	0,823	2,589	1,925	8,396	8,053	1,605	9,051	15,350	13,126	18,700	8,150	1,484
HA56-79	IAC67-48	16,015	38,556	8,528	25,697	13,427	21,601	103,005	25,626	54,578	8,481	14,417	14,570
HA56-79	IAC68-12	41,327	31,724	70,194	14,427	71,461	53,434	22,966	49,215	38,767	34,283	127,540	103,763
HA56-79	IAC68-144	15,486	17,514	17,681	18,166	27,343	17,040	21,512	24,723	25,713	19,167	36,156	17,585
HA56-79	IAC69-425	13,785	21,259	16,732	17,309	22,242	15,556	45,420	21,027	25,080	42,350	26,403	16,999
HA56-79	RB72454	10,821	15,789	9,027	18,151	9,923	18,834	36,357	15,917	21,777	18,685	8,811	20,062
HA56-79	RB725147	5,435	9,253	10,709	10,015	8,183	11,271	37,619	2,641	12,203	4,333	18,946	26,564
HA56-79	RB725828	9,327	9,073	15,019	13,637	8,495	10,983	15,451	12,149	12,980	21,561	16,940	26,594
HA56-79	RB735220	3,158	4,589	3,320	5,078	6,595	2,620	19,576	9,448	8,791	6,147	6,773	3,876
HA56-79	RB735275	21,721	31,223	21,850	30,507	23,649	21,351	47,690	26,721	26,208	26,096	33,207	28,663
HA56-79	SP70-1078	11,875	11,234	13,990	9,967	10,128	28,043	16,081	8,302	33,141	9,437	16,113	41,177
HA56-79	SP70-1143	30,596	36,687	26,967	12,138	30,744	67,043	23,390	38,948	70,930	12,078	35,720	80,774
HA56-79	SP71-799	10,493	10,030	13,901	13,516	29,139	4,850	26,947	29,311	12,134	16,344	62,409	6,904
HA56-79	SP71-1406	6,884	11,442	5,383	14,846	5,498	8,729	24,865	8,810	14,245	8,900	8,326	7,033
IAC58-480	IAC67-48	19,028	56,510	8,406	31,523	36,867	17,971	78,240	79,190	64,369	24,783	26,514	11,324
IAC58-480	IAC68-12	37,135	39,874	56,500	7,395	86,755	65,080	11,481	96,147	61,900	8,523	131,156	114,262
IAC58-480	IAC68-144	18,282	27,007	18,549	28,134	48,333	16,507	26,570	54,939	39,512	38,513	58,278	13,128
IAC58-480	IAC69-425	14,384	33,268	18,306	27,084	32,983	16,107	31,453	46,864	51,010	72,414	33,559	18,836
IAC58-480	RB72454	13,016	22,120	13,636	24,104	17,828	11,886	23,792	36,399	15,367	33,340	9,803	21,631
IAC58-480	RB725147	5,973	18,451	8,267	16,398	12,172	10,600	30,123	21,199	22,374	22,454	21,830	22,632
IAC58-480	RB725828	7,827	12,562	9,412	14,352	9,111	16,267	11,533	32,690	13,071	21,717	13,960	25,208

Tabela 12 (continuação)

Pares de Variedades	Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2)											
	CONJ6	CONJUSJ	CONJUSC	CONJ1	CONJ2	CONJ3	USJ1	USJ2	USJ3	USC1	USC2	USC3
IAC58-480 RB735220	2,002	9,929	1,808	1,874	9,885	5,094	5,631	13,928	27,461	9,579	11,687	3,669
IAC58-480 RB735275	27,121	44,632	30,144	48,441	48,885	16,772	50,806	74,480	36,559	62,309	59,793	20,998
IAC58-480 SP70-1078	16,013	13,567	20,041	27,083	20,239	25,521	37,697	13,477	29,293	41,586	42,148	29,914
IAC58-480 SP70-1143	35,328	37,329	34,956	30,485	43,159	58,424	48,527	44,889	70,261	51,608	63,173	64,205
IAC58-480 SP71-799	10,847	14,594	11,352	21,638	37,504	8,316	24,864	58,885	14,505	35,256	67,801	7,888
IAC58-480 SP71-1406	10,446	18,636	10,945	33,679	18,440	4,636	38,709	37,878	14,647	39,104	22,686	5,534
IAC67-48 IAC68-12	48,764	43,280	67,220	45,114	55,646	75,928	82,921	40,486	87,564	46,017	94,099	113,948
IAC67-48 IAC68-144	13,423	22,214	11,089	14,603	21,935	30,773	57,242	25,537	82,198	19,022	39,086	16,547
IAC67-48 IAC69-425	8,290	16,244	11,412	22,187	11,760	4,837	26,664	34,325	32,190	39,180	3,498	11,012
IAC67-48 RB72454	13,083	23,481	9,964	19,478	16,347	15,519	35,355	40,160	32,254	18,698	13,832	24,204
IAC67-48 RB725147	10,192	14,331	11,844	4,450	18,380	30,317	17,195	20,455	48,992	5,699	22,871	37,954
IAC67-48 RB725828	26,180	39,041	24,758	29,476	22,413	48,900	65,786	27,736	74,916	22,633	21,174	54,012
IAC67-48 RB735220	12,701	29,204	5,949	23,246	17,045	17,725	52,141	43,736	57,546	13,510	8,737	13,128
IAC67-48 RB735275	14,742	16,714	16,566	27,454	17,234	15,763	48,506	12,255	42,923	28,374	42,173	13,747
IAC67-48 SP70-1078	29,660	65,004	18,512	32,937	25,389	55,903	134,669	48,631	129,531	14,880	23,936	40,958
IAC67-48 SP70-1143	42,606	82,153	28,824	26,280	51,320	81,435	143,214	70,635	144,742	15,162	60,768	68,419
IAC67-48 SP71-799	22,409	36,221	22,113	27,692	32,568	26,654	61,938	43,149	49,110	21,475	40,031	25,204
IAC67-48 SP71-1406	11,082	19,553	8,307	18,700	8,290	15,599	72,946	18,396	50,041	13,667	13,354	13,007
IAC68-12 IAC68-144	38,602	28,684	54,895	22,626	69,916	47,894	21,050	69,354	33,206	49,881	105,635	94,753
IAC68-12 IAC69-425	40,066	14,565	96,946	42,224	36,308	56,587	50,344	13,921	24,710	88,298	93,395	145,989
IAC68-12 RB72454	41,420	17,435	79,135	24,518	53,348	78,523	22,999	26,458	36,864	42,096	116,623	165,148
IAC68-12 RB725147	45,218	36,790	58,975	25,622	67,446	69,905	37,386	57,994	56,801	43,398	93,615	100,825
IAC68-12 RB725828	60,680	58,639	73,957	37,864	84,579	80,864	39,887	70,401	89,592	45,912	111,196	102,455
IAC68-12 RB735220	26,974	17,318	53,266	7,276	54,889	42,853	18,219	63,882	21,336	19,348	92,616	101,719
IAC68-12 RB735275	49,725	27,986	89,802	35,567	67,184	64,855	33,579	31,843	36,346	65,995	136,845	154,697
IAC68-12 SP70-1078	57,382	50,100	89,455	25,513	80,190	82,457	38,712	71,198	67,143	58,541	124,509	170,454
IAC68-12 SP70-1143	94,976	93,124	125,533	28,007	142,465	148,669	50,582	146,381	119,320	70,556	198,556	250,438
IAC68-12 SP71-799	55,290	43,426	83,926	41,450	78,597	67,165	45,867	50,990	67,771	61,533	127,935	112,979
IAC68-12 SP71-1406	46,302	26,797	76,180	30,727	59,851	63,425	35,215	32,722	30,404	51,025	111,126	140,876
IAC68-144 IAC69-425	27,752	27,652	39,156	33,959	40,916	35,397	44,290	48,553	38,984	80,229	47,920	42,974
IAC68-144 RB72454	18,457	16,820	22,036	16,182	37,593	30,565	19,264	40,352	34,361	22,569	53,406	36,071
IAC68-144 RB725147	7,285	6,691	9,481	9,304	15,236	8,980	15,511	15,070	13,967	17,133	20,141	11,147
IAC68-144 RB725828	36,014	37,096	39,083	43,366	48,283	38,080	36,888	48,290	60,690	62,002	63,260	38,790
IAC68-144 RB735220	12,099	14,214	12,547	19,266	18,155	13,458	30,290	18,802	15,327	18,860	25,261	12,447
IAC68-144 RB735275	3,598	4,015	8,613	4,212	6,098	5,975	8,178	13,382	7,869	11,200	8,689	11,355
IAC68-144 SP70-1078	11,256	18,737	12,232	13,222	29,895	8,111	22,591	40,763	17,266	14,621	23,528	17,058
IAC68-144 SP70-1143	16,892	26,933	17,467	8,467	27,060	31,310	23,488	34,569	32,498	12,708	27,593	40,764
IAC68-144 SP71-799	42,988	40,031	51,196	41,328	93,262	38,556	44,048	93,089	67,545	59,258	141,357	35,612
IAC68-144 SP71-1406	9,352	7,820	11,600	6,928	20,318	12,431	6,388	26,418	11,731	9,985	19,575	18,027
IAC69-425 RB72454	7,373	13,764	7,112	12,139	12,213	16,742	26,014	9,380	26,499	31,350	17,575	16,080
IAC69-425 RB725147	17,956	18,528	30,724	16,564	23,041	35,543	11,752	27,801	30,963	46,827	29,394	63,738
IAC69-425 RB725828	23,442	26,902	40,463	27,667	25,119	40,518	16,513	34,314	57,485	66,411	30,867	71,758
IAC69-425 RB735220	10,817	10,983	15,533	17,616	16,675	13,374	12,188	27,171	12,826	45,911	15,166	20,304

Tabela 12 (continuação)

Pares de Variedades	Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2)											
	CONJ6	CONJUSJ	CONJUSC	CONJ1	CONJ2	CONJ3	USJ1	USJ2	USJ3	USC1	USC2	USC3
IAC69-425 RB735275	29,194	27,077	34,715	43,161	35,700	25,564	49,066	31,616	23,622	57,007	53,553	34,541
IAC69-425 SP70-1078	40,859	51,414	46,965	35,147	37,779	63,399	84,413	38,968	84,059	62,553	43,318	75,222
IAC69-425 SP70-1143	66,545	92,042	58,043	38,820	83,784	105,132	102,855	107,529	125,591	64,987	83,170	104,966
IAC69-425 SP71-799	10,927	16,725	22,396	6,627	27,278	15,418	11,208	32,891	38,273	23,856	48,907	26,857
IAC69-425 SP71-1406	13,389	19,081	16,277	21,170	13,590	17,219	54,466	12,963	28,466	43,403	21,949	16,136
RB72454 RB725147	15,895	16,625	21,031	11,444	20,772	36,140	13,575	24,753	27,432	14,169	31,504	60,602
RB72454 RB725828	33,739	32,862	41,849	45,750	22,472	54,800	36,493	35,867	42,862	63,128	28,154	89,554
RB72454 RB735220	11,030	14,413	9,053	13,077	14,007	23,607	20,906	25,376	25,233	9,312	12,057	28,010
RB72454 RB735275	15,160	18,873	15,048	20,541	25,016	18,634	29,722	25,159	19,236	18,084	46,081	24,641
RB72454 SP70-1078	29,671	36,696	29,030	33,942	31,254	44,184	63,198	32,903	49,786	37,369	40,572	53,208
RB72454 SP70-1143	48,404	67,002	39,371	27,558	67,101	78,684	74,636	92,373	89,746	29,376	74,221	82,203
RB72454 SP71-799	21,842	19,188	29,668	25,685	33,228	28,055	26,797	36,920	26,283	39,103	62,032	43,195
RB72454 SP71-1406	3,126	3,560	3,340	8,882	3,652	5,037	21,645	6,312	6,788	8,901	12,366	6,995
RB725147 RB725828	13,069	14,257	18,383	20,105	12,959	16,376	23,479	12,206	26,062	29,392	17,711	23,713
RB725147 RB735220	3,964	8,896	4,547	9,813	1,370	8,576	18,401	7,743	12,567	7,136	5,312	13,996
RB725147 RB735275	15,519	13,210	24,047	21,692	23,087	15,949	18,728	24,064	10,457	27,466	33,011	36,649
RB725147 SP70-1078	12,981	20,921	20,840	20,116	14,221	15,639	58,609	14,152	28,866	17,078	23,063	36,559
RB725147 SP70-1143	19,496	32,778	22,096	14,270	25,118	31,912	65,341	29,920	40,249	10,947	36,438	51,220
RB725147 SP71-799	22,699	19,658	35,927	18,717	50,594	25,526	25,361	41,660	35,281	24,504	86,464	43,124
RB725147 SP71-1406	9,047	7,612	14,162	9,959	11,709	17,590	25,222	11,768	13,754	7,917	16,831	37,975
RB725828 RB735220	11,861	14,990	16,489	17,003	13,420	13,995	8,000	30,525	33,464	32,902	12,866	21,867
RB725828 RB735275	50,670	51,984	61,630	68,648	52,275	51,022	60,007	49,496	59,248	84,805	76,016	73,888
RB725828 SP70-1078	27,607	31,997	31,925	28,861	23,758	44,488	48,615	31,121	49,949	34,174	32,175	62,753
RB725828 SP70-1143	47,424	55,111	47,803	35,829	47,930	81,670	59,144	62,316	91,972	50,325	61,011	101,572
RB725828 SP71-799	8,654	6,874	12,007	13,936	21,500	9,940	15,587	19,906	9,124	17,600	35,288	19,004
RB725828 SP71-1406	29,056	26,671	35,467	45,866	20,002	36,086	48,115	17,067	39,291	54,757	34,088	53,085
RB735220 RB735275	20,921	24,164	22,138	34,787	22,135	18,249	44,981	36,420	15,703	28,371	29,873	25,805
RB735220 SP70-1078	18,129	20,381	21,097	21,740	13,015	30,984	52,566	15,506	38,817	24,665	18,104	41,171
RB735220 SP70-1143	36,126	47,279	31,454	23,622	32,708	64,566	68,642	37,104	72,502	25,375	41,693	67,185
RB735220 SP71-799	14,853	15,844	19,954	16,161	43,295	9,617	14,989	65,411	31,265	26,558	62,149	13,677
RB735220 SP71-1406	9,442	13,487	7,240	20,923	8,446	12,263	44,873	22,079	15,030	11,663	6,664	13,327
RB735275 SP70-1078	16,674	35,208	14,490	19,304	29,954	16,933	42,712	47,598	37,275	20,914	23,499	15,150
RB735275 SP70-1143	22,397	45,720	16,612	13,730	37,175	33,764	46,785	68,862	48,660	15,345	27,959	27,173
RB735275 SP71-799	49,670	49,751	61,924	56,455	82,699	41,296	57,691	65,452	56,666	63,118	150,733	50,167
RB735275 SP71-1406	7,238	11,283	6,949	6,876	12,111	8,123	17,045	15,816	8,324	6,834	12,355	14,186
SP70-1078 SP70-1143	11,506	15,973	9,145	6,633	18,957	20,094	8,430	33,326	25,686	7,338	15,713	19,962
SP70-1078 SP71-799	36,916	38,393	40,055	31,828	41,788	52,759	66,975	43,592	69,499	31,786	76,569	56,011
SP70-1078 SP71-1406	15,291	23,847	13,562	16,289	20,528	20,936	27,566	30,250	22,781	14,053	15,411	28,079
SP70-1143 SP71-799	69,661	77,072	67,070	41,749	101,111	101,539	86,690	116,351	123,207	44,168	144,067	106,216
SP70-1143 SP71-1406	28,205	43,699	21,858	9,769	43,827	54,000	28,630	72,266	53,842	6,926	36,063	60,702
SP71-799 SP71-1406	23,940	19,934	31,543	30,590	39,076	20,901	41,516	28,327	34,340	37,218	85,148	20,701

Tabela 14 Estimativas de divergência genética entre 16 variedades de cana-de-açúcar, obtidas a partir dos dados de três cortes dos dois experimentos estudados por quatro métodos multivariados: Distância Euclidiana (DE), Distância Euclidiana média a partir dos escores dos três primeiros componentes principais (DEMcp), das três primeiras variáveis canônicas (DEMvc), e pela Distância Generalizada de Mahalanobis D^2 .

Pares de Variedades			Medidas de divergência genética			
			DE	DEMcp	DEMvc	D^2
CB41-76	x	NA56-79	4,8312	2,7831	2,1967	19,4174
CB41-76	x	IAC58-480	4,4724	2,5802	2,1843	19,1208
CB41-76	x	IAC67-48	1,8893	0,9619	1,0968	8,2810
CB41-76	x	IAC68-12	6,0179	3,4661	3,0547	38,1838
CB41-76	x	IAC68-144	2,4849	1,4079	1,3178	8,0382
CB41-76	x	IAC69-425	2,9376	1,6082	2,0919	18,5573
CB41-76	x	RB72454	3,9981	2,1826	2,1123	17,9802
CB41-76	x	RB725147	2,5510	1,4703	1,3170	6,9854
CB41-76	x	RB725828	4,4111	2,5205	2,7944	31,9083
CB41-76	x	RB735220	3,1583	1,8228	1,5897	10,1231
CB41-76	x	RB735275	3,2245	1,7550	1,8131	14,6170
CB41-76	x	SP70-1078	5,4834	3,1438	2,6574	31,1600
CB41-76	x	SP70-1143	4,5955	2,6479	2,9367	34,6111
CB41-76	x	SP71-799	5,5522	3,1824	3,0370	39,0164
CB41-76	x	SP71-1406	4,3541	2,4433	1,9384	15,1153
NA56-79	x	IAC58-480	0,6079	0,3137	0,3794	0,8227
NA56-79	x	IAC67-48	3,4754	1,9663	1,8431	16,0149
NA56-79	x	IAC68-12	6,1696	3,5609	3,1980	41,3274
NA56-79	x	IAC68-144	3,0353	1,7423	1,9292	15,4857
NA56-79	x	IAC69-425	2,7181	1,5270	1,7964	13,7850
NA56-79	x	RB72454	1,5606	0,6942	1,6080	10,8207
NA56-79	x	RB725147	2,4209	1,3729	1,1633	5,4351
NA56-79	x	RB725828	1,6071	0,7629	1,5024	9,3273
NA56-79	x	RB735220	1,9993	1,1457	0,8704	3,1578
NA56-79	x	RB735275	2,7773	1,5409	2,2853	21,7210
NA56-79	x	SP70-1078	1,6721	0,9032	1,5619	11,8748
NA56-79	x	SP70-1143	3,2711	1,8586	2,7614	30,5963
NA56-79	x	SP71-799	1,6780	0,9310	1,5135	10,4930
NA56-79	x	SP71-1406	1,4254	0,7153	1,3107	6,8840
IAC58-480	x	IAC67-48	3,2333	1,7863	1,9267	19,0282
IAC58-480	x	IAC68-12	5,7278	3,2985	2,9956	37,1345
IAC58-480	x	IAC68-144	2,8082	1,5914	2,0470	18,2815

Tabela 14 (continuação)

Pares de Variedades			Medidas de divergência genética			
			DE	DEM _{cp}	DEM _{vc}	D ²
IAC58-480	x	IAC69-425	2,4072	1,2906	1,7980	14,3842
IAC58-480	x	RB72454	1,6439	0,6625	1,8011	13,0162
IAC58-480	x	RB725147	2,1732	1,2412	1,2055	5,9733
IAC58-480	x	RB725828	1,3396	0,6223	1,3051	7,8270
IAC58-480	x	RB735220	1,5054	0,8665	0,6927	2,0020
IAC58-480	x	RB735275	2,7778	1,4879	2,5089	27,1210
IAC58-480	x	SP70-1078	2,0255	1,0853	1,7615	16,0132
IAC58-480	x	SP70-1143	3,4891	1,9969	2,9602	35,3280
IAC58-480	x	SP71-799	1,7254	0,9085	1,4285	10,8469
IAC58-480	x	SP71-1406	1,7213	0,8386	1,6022	10,4456
IAC67-48	x	IAC68-12	6,1952	3,5630	3,4597	48,7641
IAC67-48	x	IAC68-144	2,0858	1,1803	1,7835	13,4235
IAC67-48	x	IAC69-425	1,4448	0,7889	1,2865	8,2902
IAC67-48	x	RB72454	2,5791	1,3354	1,4253	13,0826
IAC67-48	x	RB725147	1,5221	0,6944	1,3678	10,1918
IAC67-48	x	RB725828	3,0593	1,6276	2,5041	26,1801
IAC67-48	x	RB735220	2,2431	1,1971	1,5334	12,7014
IAC67-48	x	RB735275	2,3752	1,3387	1,8920	14,7419
IAC67-48	x	SP70-1078	4,3244	2,4869	2,7127	29,6595
IAC67-48	x	SP70-1143	3,7935	2,1163	3,1661	42,6064
IAC67-48	x	SP71-799	3,9982	2,3045	2,3582	22,4094
IAC67-48	x	SP71-1406	2,9795	1,6530	1,4438	11,0816
IAC68-12	x	IAC68-144	5,2930	3,0538	3,1058	38,6017
IAC68-12	x	IAC69-425	5,6947	3,2740	3,1490	40,0659
IAC68-12	x	RB72454	6,3844	3,6418	3,1527	41,4202
IAC68-12	x	RB725147	6,0968	3,5072	3,3432	45,2177
IAC68-12	x	RB725828	6,2147	3,5469	3,8945	60,6797
IAC68-12	x	RB735220	4,8408	2,7875	2,5597	26,9741
IAC68-12	x	RB735275	6,1244	3,5152	3,5227	49,7250
IAC68-12	x	SP70-1078	6,3551	3,6590	3,7658	57,3816
IAC68-12	x	SP70-1143	8,0151	4,6135	4,8621	94,9761
IAC68-12	x	SP71-799	6,4278	3,7066	3,7081	55,2902
IAC68-12	x	SP71-1406	6,7282	3,8650	3,3813	46,3020
IAC68-144	x	IAC69-425	2,5650	1,4448	2,6161	27,7521
IAC68-144	x	RB72454	2,5123	1,2961	2,0300	18,4567
IAC68-144	x	RB725147	1,5422	0,8359	1,2835	7,2850
IAC68-144	x	RB725828	3,3335	1,8582	2,9984	36,0138
IAC68-144	x	RB735220	1,8187	1,0181	1,6678	12,0987
IAC68-144	x	RB735275	1,1857	0,5571	0,9420	3,5977
IAC68-144	x	SP70-1078	3,1828	1,8307	1,6424	11,2559
IAC68-144	x	SP70-1143	3,0418	1,7219	2,0205	16,8916
IAC68-144	x	SP71-799	4,2233	2,4358	3,2708	42,9880
IAC68-144	x	SP71-1406	2,5701	1,4096	1,4640	9,3520

Pares de Variedades			Medidas de divergência genética			
			DE	DEMcp	DEMvc	D ²
IAC69-425	x	RB72454	2,0048	1,0887	1,1888	7,3732
IAC69-425	x	RB725147	1,8226	0,8652	2,0711	17,9555
IAC69-425	x	RB725828	2,2395	0,9968	2,4012	23,4425
IAC69-425	x	RB735220	1,6323	0,8008	1,5791	10,8172
IAC69-425	x	RB735275	2,7746	1,5992	2,6707	29,1943
IAC69-425	x	SP70-1078	3,9486	2,2406	3,1625	40,8591
IAC69-425	x	SP70-1143	4,2676	2,3755	4,0638	66,5449
IAC69-425	x	SP71-799	2,8533	1,6276	1,5790	10,9267
IAC69-425	x	SP71-1406	2,6456	1,5117	1,7546	13,3894
RB72454	x	RB725147	1,9118	0,7234	1,9721	15,8953
RB72454	x	RB725828	2,3387	0,7801	2,8435	33,7389
RB72454	x	RB735220	1,9775	0,9017	1,6470	11,0297
RB72454	x	RB735275	1,9703	1,0701	1,7817	15,1798
RB72454	x	SP70-1078	2,6032	1,2814	2,5218	29,6714
RB72454	x	SP70-1143	3,0374	1,4996	3,4625	48,4045
RB72454	x	SP71-799	2,5462	1,3335	2,1522	21,8416
RB72454	x	SP71-1406	0,8148	0,4300	0,8280	3,1264
RB725147	x	RB725828	2,2413	1,2638	1,7819	13,0693
RB725147	x	RB735220	1,4921	0,8505	0,9899	3,9638
RB725147	x	RB735275	1,8019	0,7872	1,9058	15,5188
RB725147	x	SP70-1078	3,1921	1,8058	1,6370	12,9809
RB725147	x	SP70-1143	2,7233	1,5701	2,2053	19,4958
RB725147	x	SP71-799	3,4040	1,9207	2,3001	22,6987
RB725147	x	SP71-1406	2,0659	0,9873	1,5014	9,0473
RB725828	x	RB735220	1,9060	1,0194	1,6787	11,8613
RB725828	x	RB735275	3,4669	1,7884	3,5535	50,6700
RB725828	x	SP70-1078	2,9819	1,6558	2,5876	27,6074
RB725828	x	SP70-1143	3,9054	2,2461	3,4327	47,4243
RB725828	x	SP71-799	1,5669	0,6806	1,4352	8,6540
RB725828	x	SP71-1406	2,5041	1,1079	2,6752	29,0562
RB735220	x	RB735275	2,3365	1,2178	2,2114	20,9211
RB735220	x	SP70-1078	2,9331	1,6519	1,9660	18,1295
RB735220	x	SP70-1143	3,7602	2,1600	3,0027	36,1260
RB735220	x	SP71-799	2,7586	1,5510	1,7931	14,8530
RB735220	x	SP71-1406	2,3335	1,2334	1,5265	9,4423
RB735275	x	SP70-1078	2,7807	1,5325	2,0186	16,6744
RB735275	x	SP70-1143	2,3911	1,1690	2,3192	22,3974
RB735275	x	SP71-799	4,0948	2,3432	3,5217	49,6703
RB735275	x	SP71-1406	1,8346	1,0332	1,2461	7,2376
SP70-1078	x	SP70-1143	2,9524	1,6636	1,5476	11,5062
SP70-1078	x	SP71-799	3,0413	1,7475	3,0286	36,9162
SP70-1078	x	SP71-1406	2,0345	1,0122	1,7919	15,2906
SP70-1143	x	SP71-799	4,7030	2,6774	4,1311	69,6612
SP70-1143	x	SP71-1406	2,4089	1,1773	2,6487	28,2051
SP71-799	x	SP71-1406	2,7441	1,5251	2,3648	23,9402

Tabela 15 Coeficientes de correlação de Pearson entre as estimativas das medidas de divergência genética obtidas por quatro diferentes estatísticas multivariadas (DE, DEMcp, DEMvc e D^2), em 16 variedades de cana-de-açúcar, a partir da Tabela 14.

	DEMcp	DEMvc	D^2
DE	0,9956	0,8122	0,8081
DEMcp		0,7852	0,7842
DEMvc			0,9771

Tabela 16 Estimativas das correlações residuais entre seis caracteres avaliados em 16 variedades de cana-de-açúcar, a partir de três cortes em dois experimentos.

Caracteres ^{a/}	FIB	PUR	NCM	TCH	TPH
POL	0,2514	0,8107	-0,0605	-0,0650	0,4690
FIB		0,2827	-0,0638	-0,0786	0,0812
PUR			-0,1231	-0,0872	0,3333
NCM				0,7170	0,5917
TCH					0,8321

^{a/} POL : Pol% na cana
 FIB : Fibra % na cana
 PUR : Pureza no caldo
 NCM : Números de colmos por metro
 TCH : Toneladas de cana por hectare
 TPH : Toneladas de pol por hectare

Tabela 17 Agrupamentos de 16 variedades de cana-de-açúcar, pelo método de Tocher, a partir das Estimativas da Distância Euclidiana (DE) da Tabela 14.

Grupos	Variedades
I	NA56-79, IAC58-480, RB725828, SP71-1406, RB72454, SP71-799, RB735220, RB725147, IAC69-425, RB735275, IAC68-144, IAC67-48, SP70-1078, SP70-1143, CB41-76
II	IAC68-12

Tabela 18 Agrupamentos de 16 variedades de cana-de-açúcar, pelo método de Tocher, a partir das estimativas da Distância Euclidiana média (DEMcp) com base nos escores componentes principais da Tabela 14.

Grupos	Variedades
I	NA56-79, IAC58-480, RB72454, SP71-799, RB725828, RB735220, RB725147, IAC69-425, SP71-1406, RB735275, IAC68-144, IAC67-48, SP70-1078, SP70-1143, CB41-76.
II	IAC68-12

Tabela 19 Agrupamento de 16 variedades de cana-de-açúcar, pelo método de Tocher, a partir das estimativas da Distância Euclidiana Média, com base nos escores das variáveis canônicas (DEM_{vc}) da Tabela 14.

Grupos	Variedades
I	NA56-79, IAC58-480, RB735220, RB725147, SP71-799, RB72454, IAC 67-48, IAC69-425, CB41-76, IAC68-144, RB735275, SP70-1078, SP71-1406, RB725828.
II	SP70-1143
III	IAC68-12

Tabela 20 Agrupamento de 16 variedades de cana-de-açúcar, pelo método de Tocher, a partir das Estimativas da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) da Tabela 14.

Grupos	Variedades
I	NA56-79, IAC58-480, RB735220, RB725147, SP71-799, RB72454, IAC69-425, IAC67-48, CB41-76, IAC68-144, RB735275, SP70-1078, RB725828, SP71-1406.
II	SP70-1143
III	IAC68-12

Tabela 21 Estimativas da divergência genética entre 29 variedades de cana-de-açúcar, com base nos coeficientes de parentesco considerando-se ausência (f) e presença (fa) de parentesco entre os ancestrais primitivos.

Pares de Variedades	Coeficiente de parentesco		Pares de Variedades	Coeficiente de parentesco	
	f	fa		f	fa
CB41-76 x CB45-3	0,075939	0,621052	CB45-3 x RB735275	0,139696	0,644556
CB41-76 x CB47-355	0,341841	0,747336	CB45-3 x RB765418	0,118652	0,634123
CB41-76 x Co331	0,084620	0,603676	CB45-3 x RB785148	0,188811	0,663822
CB41-76 x Co997	0,355768	0,755146	CB45-3 x SP70-1078	0,139696	0,644556
CB41-76 x CP51-22	0,279161	0,716130	CB45-3 x SP70-1143	0,139696	0,644556
CB41-76 x IAC51-205	0,379660	0,750995	CB45-3 x SP70-1284	0,108449	0,632949
CB41-76 x IAC52-150	0,300720	0,701522	CB45-3 x SP71-1406	0,222945	0,677693
CB41-76 x IAC58-480	0,380074	0,750269	CB45-3 x SP71-6163	0,222945	0,677693
CB41-76 x IAC64-257	0,289114	0,718696	CB45-3 x SP71-799	0,222945	0,677693
CB41-76 x IAC67-48	0,227772	0,686024	CB45-3 x SP79-1011	0,214989	0,674129
CB41-76 x IAC68-12	0,311979	0,718542	CB47-355 x Co331	0,048322	0,587857
CB41-76 x IAC68-144	0,295949	0,722200	CB47-355 x Co997	0,469040	0,792602
CB41-76 x IAC69-425	0,324132	0,729917	CB47-355 x CP51-22	0,307726	0,727277
CB41-76 x NA56-79	0,323238	0,735562	CB47-355 x IAC51-205	0,341841	0,747336
CB41-76 x RB72454	0,300136	0,720150	CB47-355 x IAC52-150	0,389757	0,748909
CB41-76 x RB725147	0,290794	0,719916	CB47-355 x IAC58-480	0,441841	0,736405
CB41-76 x RB725828	0,313410	0,729979	CB47-355 x IAC64-257	0,326929	0,744122
CB41-76 x RB735220	0,195309	0,681349	CB47-355 x IAC67-48	0,253024	0,703686
CB41-76 x RB735275	0,261825	0,705334	CB47-355 x IAC68-12	0,398438	0,765520
CB41-76 x RB765418	0,197896	0,690069	CB47-355 x IAC68-144	0,363562	0,757658
CB41-76 x RB785148	0,299766	0,723298	CB47-355 x IAC69-425	0,330923	0,740260
CB41-76 x SP70-1078	0,261825	0,705334	CB47-355 x NA56-79	0,407119	0,782131
CB41-76 x SP70-1143	0,261825	0,705334	CB47-355 x RB72454	0,325347	0,735949
CB41-76 x SP70-1284	0,634330	0,854419	CB47-355 x RB725147	0,331375	0,742609
CB41-76 x SP71-1406	0,313410	0,729979	CB47-355 x RB725828	0,368910	0,760667
CB41-76 x SP71-6163	0,313410	0,729979	CB47-355 x RB735220	0,267410	0,715303
CB41-76 x SP71-799	0,313410	0,729979	CB47-355 x RB735275	0,283373	0,719649
CB41-76 x SP79-1011	0,327570	0,726875	CB47-355 x RB765418	0,227170	0,710991
CB45-3 x CB47-355	0,164208	0,660037	CB47-355 x RB785148	0,347131	0,748430
CB45-3 x Co331	0,536459	0,798443	CB47-355 x SP70-1078	0,283373	0,719649
CB45-3 x Co997	0,045140	0,613255	CB47-355 x SP70-1143	0,283373	0,719649
CB45-3 x CP51-22	0,151911	0,650076	CB47-355 x SP70-1284	0,330923	0,740260
CB45-3 x IAC51-205	0,075939	0,621052	CB47-355 x SP71-1406	0,368910	0,760667
CB45-3 x IAC52-150	0,047454	0,587579	CB47-355 x SP71-6163	0,368910	0,760667
CB45-3 x IAC58-480	0,107350	0,632952	CB47-355 x SP71-799	0,368910	0,760667
CB45-3 x IAC64-257	0,207964	0,672299	CB47-355 x SP79-1011	0,407119	0,767538
CB45-3 x IAC67-48	0,537970	0,810526	Co331 x Co997	0,013890	0,572758
CB45-3 x IAC68-12	0,162472	0,643956	Co331 x CP51-22	0,137154	0,630525
CB45-3 x IAC68-144	0,209221	0,672589	Co331 x IAC51-205	0,084620	0,603676
CB45-3 x IAC69-425	0,108446	0,632949	Co331 x IAC52-150	0,071760	0,573047
CB45-3 x NA56-79	0,277489	0,700332	Co331 x IAC58-480	0,107718	0,615229
CB45-3 x RB72454	0,137723	0,642623	Co331 x IAC64-257	0,096419	0,609453
CB45-3 x RB725147	0,251834	0,656208	Co331 x IAC67-48	0,310540	0,701060
CB45-3 x RB725828	0,222945	0,677693	Co331 x IAC68-12	0,058739	0,578904
CB45-3 x RB735220	0,237931	0,682005	Co331 x IAC68-144	0,083858	0,601894

Pares de Variedades		Coeficiente de parentesco		Pares de Variedades		Coeficiente de parentesco	
		f	fa			f	fa
Co331 x IAC69-425		0,103309	0,611352	CP51-22 x RB725147		0,292030	0,714065
Co331 x NA56-79		0,045718	0,584761	CP51-22 x RB725828		0,262272	0,707027
Co331 x RB72454		0,109903	0,614330	CP51-22 x RB735220		0,237463	0,693289
Co331 x RB725147		0,103112	0,618894	CP51-22 x RB735275		0,299773	0,717927
Co331 x RB725828		0,074683	0,598063	CP51-22 x RB765418		0,209900	0,690582
Co331 x RB735220		0,116909	0,617415	CP51-22 x RB785148		0,266808	0,707242
Co331 x RB735275		0,134559	0,626586	CP51-22 x SP70-1078		0,299773	0,717927
Co331 x RB765418		0,066291	0,582711	CP51-22 x SP70-1143		0,299773	0,717927
Co331 x RB785148		0,093753	0,606358	CP51-22 x SP70-1284		0,272494	0,710094
Co331 x SP70-1078		0,134559	0,626586	CP51-22 x SP71-1406		0,262272	0,707027
Co331 x SP70-1143		0,134559	0,626586	CP51-22 x SP71-6163		0,262272	0,707027
Co331 x SP70-1284		0,103309	0,611352	CP51-22 x SP71-799		0,262272	0,707027
Co331 x SP71-1406		0,074683	0,598063	CP51-22 x SP79-1011		0,240308	0,693452
Co331 x SP71-6163		0,074683	0,598063	IAC51-205 x IAC52-150		0,300720	0,701522
Co331 x SP71-799		0,074683	0,598063	IAC51-205 x IAC58-480		0,380074	0,750269
Co331 x SP79-1011		0,152489	0,633133	IAC51-205 x IAC64-257		0,289114	0,718696
Co997 x CP51-22		0,212674	0,697680	IAC51-205 x IAC67-48		0,537970	0,810526
Co997 x IAC51-205		0,355768	0,755146	IAC51-205 x IAC68-12		0,311979	0,718542
Co997 x IAC52-150		0,291667	0,712903	IAC51-205 x IAC68-144		0,295949	0,722200
Co997 x IAC58-480		0,312500	0,736236	IAC51-205 x IAC69-425		0,324132	0,729917
Co997 x IAC64-257		0,266426	0,722611	IAC51-205 x NA56-79		0,323238	0,735562
Co997 x IAC67-48		0,200454	0,684200	IAC51-205 x RB72454		0,300136	0,720150
Co997 x IAC68-12		0,310764	0,732910	IAC51-205 x RB725147		0,290794	0,719916
Co997 x IAC68-144		0,289636	0,732798	IAC51-205 x RB725828		0,313410	0,729979
Co997 x IAC69-425		0,302590	0,733913	IAC51-205 x RB735220		0,195309	0,681349
Co997 x NA56-79		0,329862	0,752917	IAC51-205 x RB735275		0,261825	0,705334
Co997 x RB72454		0,259084	0,714923	IAC51-205 x RB765418		0,197896	0,690069
Co997 x RB725147		0,278875	0,726364	IAC51-205 x RB785148		0,299766	0,723298
Co997 x RB725828		0,299950	0,737120	IAC51-205 x SP70-1078		0,261825	0,705334
Co997 x RB735220		0,175854	0,684330	IAC51-205 x SP70-1143		0,261825	0,705334
Co997 x RB735275		0,226201	0,702493	IAC51-205 x SP70-1284		0,324132	0,729917
Co997 x RB765418		0,180189	0,694031	IAC51-205 x SP71-1406		0,313410	0,729979
Co997 x RB785148		0,279837	0,727061	IAC51-205 x SP71-6163		0,313410	0,729979
Co997 x SP70-1078		0,226201	0,702493	IAC51-205 x SP71-799		0,313410	0,729979
Co997 x SP70-1143		0,226201	0,702493	IAC51-205 x SP79-1011		0,327579	0,726875
Co997 x SP70-1284		0,302590	0,733913	IAC52-150 x IAC58-480		0,277778	0,688857
Co997 x SP71-1406		0,299950	0,737120	IAC52-150 x IAC64-257		0,202444	0,666009
Co997 x SP71-6163		0,299950	0,737120	IAC52-150 x IAC67-48		0,174087	0,644551
Co997 x SP71-799		0,299950	0,737120	IAC52-150 x IAC68-12		0,380787	0,740223
Co997 x SP79-1011		0,314237	0,732669	IAC52-150 x IAC68-144		0,241264	0,683098
CP51-22 x IAC51-205		0,279161	0,716130	IAC52-150 x IAC69-425		0,260837	0,686766
CP51-22 x IAC52-150		0,178241	0,650522	IAC52-150 x NA56-79		0,261574	0,694186
CP51-22 x IAC58-480		0,409144	0,762740	IAC52-150 x RB72454		0,219818	0,669034
CP51-22 x IAC64-257		0,290702	0,716298	IAC52-150 x RB725147		0,218942	0,675158
CP51-22 x IAC67-48		0,215536	0,683103	IAC52-150 x RB725828		0,246541	0,685805
CP51-22 x IAC68-12		0,212963	0,676869	IAC52-150 x RB735220		0,141625	0,640729
CP51-22 x IAC68-144		0,256757	0,703648	IAC52-150 x RB735275		0,182134	0,654921
CP51-22 x IAC69-425		0,272494	0,710094	IAC52-150 x RB765418		0,154279	0,653067
CP51-22 x NA56-79		0,247686	0,703217	IAC52-150 x RB785148		0,236386	0,680261
CP51-22 x RB72-454		0,363159	0,743185	IAC52-150 x SP70-1078		0,182134	0,654921

Pares de Variedades	Coeficiente de parentesco	
	f	fa
IAC52-150 x SP70-1143	0,182134	0,654921
IAC52-150 x SP70-1284	0,260837	0,686766
IAC52-150 x SP71-1406	0,246541	0,685805
IAC52-150 x SP71-6163	0,246541	0,685805
IAC52-150 x SP71-799	0,246541	0,685805
IAC52-150 x SP79-1011	0,237727	0,686920
IAC58-480 x IAC64-257	0,316773	0,727342
IAC58-480 x IAC67-48	0,243712	0,691610
IAC58-480 x IAC68-12	0,297454	0,709888
IAC58-480 x IAC68-144	0,312103	0,723391
IAC58-480 x IAC69-425	0,341999	0,733037
IAC58-480 x NA56-79	0,317130	0,730918
IAC58-480 x RB72454	0,331615	0,728944
IAC58-480 x RB725147	0,327294	0,725088
IAC58-480 x RB725828	0,316492	0,726591
IAC58-480 x RB735220	0,238250	0,692915
IAC58-480 x RB735275	0,311746	0,719943
IAC58-480 x RB765418	0,235216	0,700521
IAC58-480 x RB785148	0,313978	0,722827
IAC58-480 x SP70-1078	0,311746	0,719943
IAC58-480 x SP70-1143	0,311746	0,719943
IAC58-480 x SP70-1284	0,341999	0,733037
IAC58-480 x SP71-1406	0,316492	0,726591
IAC58-480 x SP71-6163	0,316492	0,726591
IAC58-480 x SP71-799	0,316492	0,726591
IAC58-480 x SP79-1011	0,317564	0,722057
IAC64-257 x IAC67-48	0,248539	0,695497
IAC64-257 x IAC68-12	0,400492	0,753707
IAC64-257 x IAC68-144	0,305678	0,727372
IAC64-257 x IAC69-425	0,273650	0,712042
IAC64-257 x NA56-79	0,598541	0,841405
IAC64-257 x RB72454	0,286069	0,715523
IAC64-257 x RB725147	0,331121	0,735989
IAC64-257 x RB725828	0,455684	0,785001
IAC64-257 x RB735220	0,256819	0,704935
IAC64-257 x RB735275	0,428363	0,773396
IAC64-257 x RB765418	0,230470	0,701260
IAC64-257 x RB785148	0,370595	0,750996
IAC64-257 x SP70-1078	0,289661	0,716928
IAC64-257 x SP70-1143	0,289661	0,716928
IAC64-257 x SP70-1284	0,273650	0,712042
IAC64-257 x SP71-1406	0,455684	0,785001
IAC64-257 x SP71-6163	0,455684	0,785001
IAC64-257 x SP71-799	0,455684	0,785001
IAC64-257 x SP79-1011	0,420083	0,763958
IAC67-48 x IAC68-12	0,237225	0,681249
IAC67-48 x IAC68-144	0,252585	0,697395
IAC67-48 x IAC69-425	0,216289	0,681433
IAC67-48 x NA56-79	0,300364	0,717947
IAC67-48 x RB72454	0,210659	0,678573

Pares de Variedades	Coeficiente de parentesco	
	f	fa
IAC67-48 x RB725147	0,221332	0,685561
IAC67-48 x RB725828	0,259795	0,701022
IAC67-48 x RB735220	0,216620	0,681677
IAC67-48 x RB735275	0,200760	0,674945
IAC67-48 x RB765418	0,150768	0,661002
IAC67-48 x RB785148	0,235926	0,690746
IAC67-48 x SP70-1078	0,200760	0,674945
IAC67-48 x SP70-1143	0,200760	0,674945
IAC67-48 x SP70-1284	0,216289	0,681433
IAC67-48 x SP71-1406	0,259795	0,701022
IAC67-48 x SP71-6163	0,259795	0,701022
IAC67-48 x SP71-799	0,259795	0,701022
IAC67-48 x SP79-1011	0,271284	0,700502
IAC68-12 x IAC68-144	0,316742	0,724507
IAC68-12 x IAC69-425	0,280023	0,706255
IAC68-12 x NA56-79	0,630787	0,847093
IAC68-12 x RB72454	0,257441	0,695900
IAC68-12 x RB725147	0,313008	0,721057
IAC68-12 x RB725828	0,461043	0,779769
IAC68-12 x RB735220	0,220416	0,683237
IAC68-12 x RB735275	0,209132	0,677145
IAC68-12 x RB765418	0,225234	0,691346
IAC68-12 x RB85148	0,365936	0,741488
IAC68-12 x SP70-1078	0,209132	0,677145
IAC68-12 x SP70-1143	0,209132	0,677145
IAC68-12 x SP70-1284	0,280023	0,706255
IAC68-12 x SP71-1406	0,461043	0,779769
IAC68-12 x SP71-6163	0,461043	0,779769
IAC68-12 x SP71-799	0,461043	0,779769
IAC68-12 x SP79-1011	0,456236	0,768543
IAC68-144 x IAC69-425	0,276312	0,713848
IAC68-144 x NA56-79	0,392219	0,765915
IAC68-144 x RB72454	0,259064	0,705767
IAC68-144 x RB725147	0,278886	0,716716
IAC68-144 x RB725828	0,333781	0,740340
IAC68-144 x RB735220	0,253503	0,704685
IAC68-144 x RB735275	0,237906	0,697163
IAC68-144 x RB765418	0,190112	0,687698
IAC68-144 x RB785148	0,299894	0,725235
IAC68-144 x SP70-1078	0,237906	0,697163
IAC68-144 x SP70-1143	0,237906	0,697163
IAC68-144 x SP70-1284	0,276312	0,713848
IAC68-144 x SP71-1406	0,333781	0,740340
IAC68-144 x SP71-6163	0,333781	0,740340
IAC68-144 x SP71-799	0,333781	0,740340
IAC68-144 x SP79-1011	0,327265	0,729767
IAC69-425 x NA56-79	0,299208	0,725745
IAC69-425 x RB72454	0,268810	0,707093
IAC69-425 x RB725147	0,265544	0,708810
IAC69-425 x RB725828	0,282496	0,717122

Pares de Variedades	Coeficiente de parentesco	
	f	fa
IAC69-425 x RB735220	0,201553	0,682487
IAC69-425 x RB735275	0,250754	0,700145
IAC69-425 x RB765418	0,182247	0,682215
IAC69-425 x RB785148	0,271048	0,711174
IAC69-425 x SP70-1078	0,250754	0,700145
IAC69-425 x SP70-1143	0,250754	0,700145
IAC69-425 x SP70-1284	0,288774	0,715934
IAC69-425 x SP71-1406	0,282496	0,717122
IAC69-425 x SP71-6163	0,282496	0,717122
IAC69-425 x SP71-799	0,282496	0,717122
IAC69-425 x SP79-1011	0,294367	0,714149
NA56-79 x RB72454	0,292428	0,720263
NA56-79 x RB725147	0,406203	0,766313
NA56-79 x RB725828	0,672909	0,871229
NA56-79 x RB735220	0,299208	0,725745
NA56-79 x RB735275	0,236130	0,699369
NA56-79 x RB765418	0,328464	0,730236
NA56-79 x RB785148	0,491704	0,800211
NA56-79 x SP70-1078	0,236130	0,699369
NA56-79 x SP70-1143	0,236130	0,699369
NA56-79 x SP70-1284	0,299208	0,725745
NA56-79 x SP71-1406	0,672909	0,871229
NA56-79 x SP71-6163	0,672909	0,871229
NA56-79 x SP71-799	0,672909	0,871229
NA56-79 x SP79-1011	0,638744	0,850166
RB72454 x RB725147	0,261800	0,705964
RB72454 x RB725828	0,278427	0,713361
RB72454 x RB735220	0,210744	0,684022
RB72454 x RB735275	0,259384	0,702065
RB72454 x RB765418	0,185628	0,681155
RB72454 x RB785148	0,268577	0,708670
RB72454 x SP70-1078	0,259384	0,702065
RB72454 x SP70-1143	0,259384	0,702065
RB72454 x SP70-1284	0,268810	0,707093
RB72454 x SP71-1406	0,278427	0,713361
RB72454 x SP71-6163	0,278427	0,713361
RB72454 x SP71-799	0,278427	0,713361
RB72454 x SP79-1011	0,272528	0,704301
RB725147 x RB725828	0,332707	0,736280
RB725147 x RB735220	0,223524	0,691946
RB725147 x RB735275	0,250765	0,701378
RB725147 x RB765418	0,198606	0,686983
RB725147 x RB785148	0,300253	0,723138
RB725147 x SP70-1078	0,250765	0,701378
RB725147 x SP70-1143	0,250765	0,701378
RB725147 x SP70-1284	0,265544	0,708810
RB725147 x SP71-1406	0,332707	0,736280
RB725147 x SP71-6163	0,332707	0,736280
RB725147 x SP71-799	0,332707	0,736280
RB725147 x SP79-1011	0,322457	0,726049

Pares de Variedades	Coeficiente de parentesco	
	f	fa
RB725828 x RB735220	0,259707	0,707796
RB725828 x RB735275	0,245920	0,701174
RB725828 x RB765418	0,252817	0,704689
RB725828 x RB785148	0,388743	0,758875
RB725828 x SP70-1078	0,245920	0,701174
RB725828 x SP70-1143	0,245920	0,701174
RB725828 x SP70-1284	0,282496	0,717122
RB725828 x SP71-1406	0,490133	0,798751
RB725828 x SP71-6163	0,490133	0,798751
RB725828 x SP71-799	0,490133	0,798751
RB725828 x SP79-1011	0,470103	0,783575
RB735220 x RB735275	0,217980	0,683875
RB735220 x RB765418	0,153707	0,669012
RB735220 x RB785148	0,236854	0,697266
RB735220 x SP70-1078	0,217980	0,683875
RB735220 x SP70-1143	0,217980	0,683875
RB735220 x SP70-1284	0,201553	0,682487
RB735220 x SP71-1406	0,259707	0,707796
RB735220 x SP71-6163	0,259707	0,707796
RB735220 x SP71-799	0,259707	0,707796
RB735220 x SP79-1011	0,232924	0,692652
RB735275 x RB765418	0,167567	0,673189
RB735275 x RB785148	0,246808	0,700071
RB735275 x SP70-1078	0,291438	0,714722
RB735275 x SP70-1143	0,291438	0,714722
RB735275 x SP70-1284	0,250754	0,700145
RB735275 x SP71-1406	0,245920	0,701174
RB735275 x SP71-6163	0,245920	0,701174
RB735275 x SP71-799	0,245920	0,701174
RB735275 x SP79-1011	0,231288	0,689586
RB765418 x RB785148	0,211429	0,693798
RB765418 x SP70-1078	0,167567	0,673189
RB765418 x SP70-1143	0,167567	0,673189
RB765418 x SP70-1284	0,182247	0,682215
RB765418 x SP71-1406	0,252817	0,704689
RB765418 x SP71-6163	0,252817	0,704689
RB765418 x SP71-799	0,252817	0,704689
RB765418 x SP79-1011	0,242298	0,693075
RB785148 x SP70-1078	0,246808	0,700071
RB785148 x SP70-1143	0,246808	0,700071
RB785148 x SP70-1284	0,271048	0,711174
RB785148 x SP71-1406	0,388743	0,758875
RB785148 x SP71-6163	0,388743	0,758875
RB785148 x SP71-799	0,388743	0,758875
RB785148 x SP79-1011	0,375705	0,746388
SP70-1078 x SP70-1143	0,430140	0,771191
SP70-1078 x SP70-1284	0,250754	0,700145
SP70-1078 x SP71-1406	0,245920	0,701174
SP70-1078 x SP71-6163	0,245920	0,701174
SP70-1078 x SP71-799	0,245920	0,701174

Tabela 2i (continuação)

Pares Variedades	Coeficiente de parentesco		Pares Variedades	Coeficiente de parentesco	
	f	fa		f	fa
SP70-1078 x SP79-1011	0,231288	0,689586	SP70-1284 x SP71-799	0,282496	0,717122
SP70-1143 x SP70-1284	0,250754	0,700145	SP70-1284 x SP79-1011	0,294367	0,714149
SP70-1143 x SP71-1406	0,245920	0,701174	SP71-1406 x SP71-6163	0,490133	0,798751
SP70-1143 x SP71-6163	0,245920	0,701174	SP71-1406 x SP71-799	0,490133	0,798751
SP70-1143 x SP71-799	0,245920	0,701174	SP71-1406 x SP79-1011	0,470103	0,783575
SP70-1143 x SP79-1011	0,231288	0,689586	SP71-6163 x SP71-799	0,490133	0,798751
SP70-1284 x SP71-1406	0,282496	0,717122	SP71-6163 x SP79-1011	0,470103	0,783575
SP70-1284 x SP71-6163	0,282496	0,717122	SP71-799 x SP79-1011	0,470103	0,783575

Tabela 22 Coeficientes de parentesco médio ($\bar{f}$), desvios padrão $s(f)$ e amplitude das 29 variedades de cana-de-açúcar estudadas.

Variedades	$\bar{f}$	$s(f)$	Intervalo de Variação	
			max	min
CB41-76	0,294817	0,098056	0,634330	0,075939
CB45-3	0,188472	0,116465	0,537970	0,045140
CB47-355	0,326672	0,084708	0,469040	0,048322
CO331	0,115404	0,097447	0,536459	0,013890
CO997	0,265188	0,089551	0,469040	0,013890
CP51-22	0,260071	0,056583	0,409144	0,137154
IAC51-205	0,294818	0,086029	0,537970	0,075939
IAC52-150	0,227903	0,075527	0,389757	0,047454
IAC58-480	0,305456	0,071477	0,441841	0,107350
IAC64-257	0,320475	0,101467	0,598541	0,096419
IAC67-48	0,254300	0,087256	0,537970	0,150768
IAC68-12	0,317882	0,119889	0,630787	0,058739
IAC68-144	0,279490	0,060322	0,392219	0,083858
IAC69-425	0,263176	0,056918	0,341999	0,103309
NA56-79	0,389649	0,171838	0,672909	0,045718
RB72454	0,260048	0,053138	0,363159	0,109903
RB725147	0,280588	0,057922	0,406203	0,103112
RB725828	0,334196	0,119513	0,672909	0,074683
RB735220	0,221656	0,040267	0,299208	0,116909
RB735275	0,239878	0,044413	0,311746	0,134559
RB765418	0,199381	0,050501	0,328464	0,066291
SP78-5148	0,297164	0,080058	0,491704	0,093753
SP70-1078	0,244831	0,056474	0,430140	0,134559
SP70-1143	0,244831	0,056474	0,430140	0,134559
SP70-1284	0,274255	0,089871	0,634330	0,134559
SP71-1406	0,334196	0,119513	0,672909	0,074683
SP71-6163	0,334196	0,119513	0,672909	0,074683
SP71-799	0,334196	0,119513	0,672909	0,074683
SP79-1011	0,330790	0,109430	0,638744	0,152489
Médias	0,27703	0,10494	0,67291	0,01389

Tabela 23 Coeficiente de parentesco médio entre e dentro de grupos formados por variedades de cana-de-açúcar de acordo com a sua procedência: CB (Campos-RJ), ESTR (diferentes programas estrangeiros), IAC (Instituto Agrônomo de Campinas), RB (PLANALSUCAR) e SP (COPERSUCAR).

	CP	NA	ESTR	CB	IAC	RB	SP
Co(2) ^{a/}	0,17491	0,18779	0,18135	0,25656	0,20290	0,17137	0,19415
CP(1)		0,24769	0,19917	0,24627	0,23031	0,23698	0,27593
NA(1)			0,20769	0,33595	0,35298	0,38958	0,48985
ESTR(4)			0,16450	0,27383	0,26515	0,20622	0,21987
CB(3)				0,19399	0,28386	0,25273	0,29090
IAC(8)					0,29631	0,29492	0,26458
RB(7)						0,24533	0,28520
SP(7)							0,32821

^{a/}
() Número de variedades por grupo

Tabela 24 - Estimativas da divergência genética entre oito variedades de cana-de-açúcar, baseados no método do coeficiente de parentesco (f) e na técnica molecular do RFLP.

Pares de Variedades			f	RFLP*
CO290	x	CP44-101	0,194445	0,615
CO290	x	NA56-79	0,509259	0,733
CO290	x	SP71-3501	0,169522	0,571
CO290	x	SP71-4209	0,067259	0,612
CO290	x	SP71-5986	0,121622	0,653
CO290	x	SP71-6163	0,363340	0,667
CO290	x	SP79-1011	0,277524	0,630
CP44-101	x	NA56-79	0,125	0,680
CP44-101	x	SP71-3501	0,200744	0,708
CP44-101	x	SP71-4209	0,180929	0,750
CP44-101	x	SP71-5986	0,171188	0,686
CP44-101	x	SP71-6163	0,177650	0,700
CP44-101	x	SP79-1011	0,125868	0,717
NA56-79	x	SP71-3501	0,311076	0,733
NA56-79	x	SP71-4209	0,366378	0,681
NA56-79	x	SP71-5986	0,276334	0,822
NA56-79	x	SP71-6163	0,672909	0,739
NA56-79	x	SP79-1011	0,638744	0,762
SP71-3501	x	SP71-4209	0,301936	0,773
SP71-3501	x	SP71-5986	0,267092	0,702
SP71-3501	x	SP71-6163	0,286171	0,717
SP71-3501	x	SP79-1011	0,298738	0,698
SP71-4209	x	SP71-5986	0,300290	0,745
SP71-4209	x	SP71-6163	0,313410	0,723
SP71-4209	x	SP79-1011	0,327579	0,786
SP71-5986	x	SP71-6163	0,264162	0,804
SP71-5986	x	SP79-1011	0,449950	0,791
SP71-6163	x	SP79-1011	0,470103	0,750

*

Obtidos por BURNQUIST (1991)

Figura 1 - Genealogia das variedades de cana-de-açúcar
CB41-76, CB45-3 e CB47-355.

NI = Não identificado

Figura 2 Genealogia das variedades de cana-de-açúcar Co331, Co997, CP51-22 e NA56-79.

NI = Não identificado

Figura 3 · Genealogia das variedades de cana-de-açúcar
IAC51-205, IAC52-150, IAC58-480, IAC64-257,
IAC67-48, IAC68-12, IAC68-144 e IAC69-425.

NI = Não identificado

Figura 4 - Genealogia das variedades de cana-de-açúcar RB72454, RB725147, RB725828, RB735220, RB735275, RB765418 e RB785148.

NI = Não identificado

Figura 5 Genealogia das variedades de cana-de-açúcar SP70-1078, SP70-1143, SP70-1284, SP71-799, SP71-1406, SP71-6163 e SP79-1011.

NI = Não identificado

Figura 6 Contribuição genética relativa (cgr) dos ancestrais em 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, considerando-se os genótipos parentais não-identificados nas genealogias onde ocorrem pol cruzamentos como se fossem um único ancestral (NI). (HARVARD GRAPHICS 3.0).

Figura 7 Contribuição genética relativa (cgr) das espécies de *Saccharum* em 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, considerando-se os genótipos parentais não-identificados nas genealogias onde ocorrem policruzamentos como se fossem um único ancestral (NI). (HARVARD GRAPHICS 3.0).

Figura 8 Contribuição genética relativa (cgr) dos ancestrais em 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, considerando-se que a constituição genética dos ancestrais não-identificados em volta participações dos ancestrais identificados nas mesmas proporções médias verificadas em cada geração. (HARVARD GRAPHICS 3.0).

Figura 9 Contribuição genética relativa (cgr) das espécies de *Saccharum* em 29 variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil, considerando-se que a constituição genética dos ancestrais não-identificados envolva participações dos ancestrais identificados nas mesmas proporções médias verificadas em cada geração. (HARVARD GRAPHICS 3.0).