SELEÇÃO SEQUENCIAL EM CANA-DE-AÇÚCAR

JOSÉ ANTONIO BRESSIANI

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura
"Luiz de Queiroz", 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 - 2001

SELEÇÃO SEQUENCIAL EM CANA-DE-AÇÚCAR

JOSÉ ANTONIO BRESSIANI

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. **ROLAND VENCovsky**

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura
"Luiz de Queiroz", 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 - 2001

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Bressiani, José Antonio

Seleção sequencial em cana-de-açúcar / José Antonio Bressiani. - -
Piracicaba, 2001.

104 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001.

Bibliografia.

1. Cana-de-açúcar 2. Genética quantitativa 3. Interação genótipo-
ambiente 4. Melhoramento genético vegetal 5. Seleção massal 6. Seleção
sequencial I. Título

CDD 633.61

AGRADEÇO a Deus pelo amparo,
permitindo o alcance de mais um degrau.

DEDICO à minha mãe Nair, que muito
trabalhou para que eu até aqui chegasse, ao meu
pai Sylvio (in memoriam) e aos meus irmãos
Nivaldo, João Luís e Maria Lúcia.

OFEREÇO à minha querida esposa
Sintia e ao meu filho José Gabriel, cujo apoio,
carinho, dedicação e companheirismo foram
indispensáveis.

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, pela orientação, ensinamentos, estímulo, exemplo e amizade dedicados nestes onze anos de convívio tão proveitoso desde os tempos do mestrado. Agradeço as horas contínuas que dedicou, melhorando não apenas a qualidade deste trabalho, mas também a minha formação acadêmica e profissional. É impossível em espaço tão pequeno registrar a profunda gratidão que sinto.

À Cooperativa Central dos Produtores de Cana, Açúcar e Alcool do Estado de São Paulo - COPERSUCAR – em especial ao Dr. William Lee Burnquist, gerente de Fitotecnia, por ter permitido a realização deste trabalho. Espero, sinceramente, que os resultados sejam de grande utilidade no melhoramento desta cultura.

Meu agradecimento especial aos engenheiros Guilherme Rossi Machado Jr., Arnaldo José Raizer, Jorge Alberto Gonçalves da Silva, Enrico De Beni Arrigoni, Jeremias R. de Mendonça, René de Assis Sórdi, ao estatístico Rubens I. C. Braga Jr. e aos técnicos agrícolas Agnaldo Stênico, Luiz Carlos Dizeró, Francisco Pereira, Aparecido de Moraes, Carlos Roberto Rubio, João Carlos Bocci, Adalberto Moreira Filho e Rodolfo Alves Dias, pelo incentivo, auxílio na coleta e análise dos dados e na discussão dos resultados.

Agradeço também à Usina Iracema, por ter permitido a condução de parte dos ensaios em suas dependências e por ter cedido os recursos necessários para tal.

Minha comissão julgadora, Drs. Roland Vencovsky, José Branco de Miranda Filho, Antonio Augusto Franco Garcia, William Lee Burnquist, Marcos Guimarães de Andrade Landell, Isaias Olívio Geraldi e Sizuo Matsuoka, merece minha gratidão por sua amizade e por me ensinar boa parte do que sei. Obrigado

por me conscientizar o quão pouco sabemos e que a prática da pesquisa científica envolve uma aprendizagem contínua.

Finalmente, gostaria de prestar meus agradecimentos aos meus colegas da pós-graduação pela experiência obtida durante nossas conversas diárias e discussões nos trabalhos. Agradeço também aos meus amigos, amigas e familiares no fornecimento de estímulo, desde o início até a conclusão do presente trabalho.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE ANEXOS.....	x
LISTA DE TABELAS.....	xi
LISTA DE FIGURAS.....	xvi
LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS	xviii
RESUMO	xxii
SUMMARY	xxiv
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 Procedimentos de Plantio.....	5
2.1.1 Plantio agrupado	5
2.1.2 Plantio individual.....	6
2.2 Tamanho da população inicial	7
2.3 Procedimentos de seleção.....	9
2.3.1 Considerações gerais sobre seleção de clones em espécies de propagação vegetativa.	9
2.3.2 Etapas da seleção clonal em cana-de-açúcar	12
2.3.3 Seleção individual ou massal.....	13
2.3.4 Seleção de famílias	16
2.3.4.1 Interação famílias por ambientes	19

2.3.5 Seleção entre e dentro de famílias.....	20
2.3.5.1 Seleção sequencial.....	22
2.3.5.2 Seleção combinada	24
2.3.5.2.1 Índices de seleção	25
2.3.5.2.1.1 Bueno Filho, 1992.....	27
2.3.5.2.1.2 Resende, 1999.	28
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 População original	29
3.2 Avaliação experimental.....	29
3.2.1 Experimento (a)	29
3.2.1.1 Coleta de dados	32
3.2.2 Experimento (b)	33
3.2.2.1 Ensaio 1	34
3.2.2.1.1 Coleta de dados do ensaio	35
3.2.2.2. Ensaio 2 (mult. 1x3).....	35
3.2.2.2.1 Coleta de dados (12 meses após o plantio)	36
3.2.2.2.3 Ensaio 3 (mult. 5x4).....	37
3.2.2.2.3.1 Coleta de dados.....	37
3.3 Análises estatísticas e determinação dos parâmetros genéticos	39
3.3.1 Experimento (a)	39
3.3.1.1 Decomposição da interação famílias x ambientes.	42
3.3.1.2 Estimativa da resposta esperada à seleção	44
3.3.1.2.1 Progresso esperado com a seleção massal (RS_m):	44
3.3.1.2.2 Progresso esperado com a seleção por famílias (RS_f):.....	45

3.3.1.2.3 Progresso esperado com a seleção sequencial tradicional (RS_{st}):.....	46
3.3.1.2.4 Progresso esperado com a seleção sequencial empregada na Austrália (RS_{sa}):.....	46
3.3.1.2.5 Progresso esperado com a seleção sequencial modificada (RS_{sm}):.....	47
3.3.1.2.6 Progresso esperado com a seleção combinada, adaptado de Bueno Filho (1992) (RS_{i1}).	49
3.3.1.2.7 Progresso esperado com a seleção combinada, adaptado de Resende (1999) (RS_{i2}).	50
3.3.2 Experimento (b)	51
3.3.2.1 Ensaio 1	51
3.3.2.2 Ensaio 2	52
3.3.2.3 Ensaio 3	54
4 RESULTADOS	55
4.1 Interação famílias x ambientes	55
4.2 Análise da variância individual	67
4.2.1 Distribuição da variância genética entre e dentro de famílias	68
4.2.2 Estimativa da herdabilidade dos caracteres	74
4.3 Resposta esperada com a seleção	76
4.3.1 Seleção direta	76
4.3.2 Seleção indireta.....	84
4.4 Resposta esperada vs. resposta realizada com o emprego da seleção sequencial modificada (RS_{sm})	92
5 CONCLUSÕES	102
ANEXOS	105

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	127
----------------------------------	-----

LISTA DE ANEXOS

	Página
A Coordenadas georeferenciais e histórico do regime climático para as localidades de Piracicaba e Jaú.	105
B Índice para seleção combinada (I_1), adaptado de Bueno Filho, 1992.	106
C Índice para seleção combinada (I_2), adaptado de Resende, 1999.	111
D Análise de variância individual para Piracicaba e Jaú, considerando o tipo de família (irmão germano e meio irmão).	118
E Estimativa dos componetes da variância a partir da análise individual para Piracicaba e Jaú, considerando-se o tipo de família (irmão germano e meio irmão).	121
F Equações utilizadas para obter a taxa de seleção dentro de famílias no método da seleção sequencial modificada.	125

LISTA DE TABELAS

Página

1	Programa de seleção clonal da Copersucar, em 2001.....	13
2	Estimativas de herdabilidades no sentido amplo baseadas em plantas individuais e em famílias (entre parênteses), adaptada de Skinner et al. (1987).....	16
3	População original do experimento (a).....	30
4	População original do experimento (b).....	31
5	Escala em mm do paquímetro especial utilizado para a avaliação do diâmetro médio dos colmos.	33
6	Análise de variância do experimento (a), para um ambiente.	39
6a	Análise de variância do ensaio com clones anexo ao experimento (a), para a localidade de Piracicaba.	40
7	Análise de variância do experimento (a), para dois ambientes, baseada nas médias por parcela.	41
8	Análise de variância do ensaio 1, experimento (b).	51
9	Análise de variância do ensaio 2, experimento (b).	53
10	Análise de variância do ensaio 3, experimento (b).	53
11	Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.....	55

12	Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a); cana-de-açúcar; Jaú, 1993.	56
13	Análise conjunta de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.	57
14	Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro médio dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), na análise conjunta do experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.	58
15	Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de “seedlings” selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção final de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter Brix; cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.	58
16	Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de “seedlings” selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção final de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.	60
17	Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de “seedlings” selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção final de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.	61
18	Decomposição da interação FA em valores fenotípicos nos componentes A e B e estimativa da correlação (r_{12}) entre as localidades de Piracicaba e Jaú, para os caracteres Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar, 1993.	62

- 19** Decomposição da interação FA ao nível de valores genotípicos nos componentes *A* e *B* e estimativa da correlação genética (r_{G12}) entre os ambientes de Piracicaba e Jaú, para os caracteres Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar, 1993. 64
- 20** Progresso esperado com a seleção de famílias para os caracteres Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), baseada em diferentes critérios seletivos, nas localidades de Piracicaba (1), Jaú (2) e na média de ambas; cana-de-açúcar, 1993. 64
- 21** Quadrados médios da análise da variância ao nível de médias de clones para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), no experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993. 67
- 22** Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993. 68
- 23** Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Jaú, 1993. 69
- 24** Decomposição da Variância genética total nos componentes entre e dentro de famílias, nas localidades de Piracicaba e Jaú, para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar, 1993. 70
- 25** Porcentagem da variância genética entre famílias em relação à variância genética total, nas localidades de Piracicaba e Jaú, para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), com subdivisão

- para o tipo de cruzamento utilizado na obtenção da família; cana-de-açúcar, 1993..... 73
- 26** Estimativa da herdabilidade com famílias (h_m^2) e com plantas individuais (h_i^2) e dentro de parcelas (h_d^2) para as localidades de Piracicaba, Jaú e conjunta para ambas; cana-de-açúcar, 1993. 75
- 27** Progresso esperado com a seleção massal (RS_m), por famílias (RS_f), sequencial modificada (RS_{sm}) e combinada (RS_{i1} e RS_{i2}) através de dois índices de seleção, para uma taxa final de 0,15; cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993. 77
- 28** Etapas de seleção em cana-de-açúcar, com destaque para o tamanho da população, a resposta à seleção (RS%) e a média do caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), no comparativo de dois métodos de seleção aplicados na etapa I: seleção massal e seleção sequencial modificada. 80
- 29** Progresso esperado com a seleção sequencial conforme o modelo tradicional (RS_{st}), o utilizado na Austrália (RS_{sa}) e o proposto neste trabalho (RS_{sm}), em valores percentuais e a diferença em relação à resposta à seleção massal (RS_m), com uma taxa total de 0,15; cana-de-açúcar, Piracicaba, 1993. 82
- 30** Resposta esperada à seleção massal (RS_m), sequencial tradicional (RS_{st}), sequencial australiana (RS_{sa}) e sequencial modificada (RS_{sm}), utilizando a avaliação visual do caráter toneladas de cana por hectare (TCH), em valores percentuais relativos à média, em diferentes níveis de correlação genética (r_G); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993. 85
- 31** Resposta esperada à seleção massal (RS_m), sequencial tradicional (RS_{st}), sequencial australiana (RS_{sa}) e sequencial modificada (RS_{sm}), utilizando a avaliação visual para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), em

valores percentuais relativos à média, em diferentes níveis de correlação genética (r_G); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.	86
32 Taxas de seleção entre e dentro de famílias para a seleção indireta dos caracteres toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), conforme método da seleção sequencial tradicional, em diferentes níveis da correlação genética (r_G); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.	87
33 Quadrados médios da análise de variância do Ensaio 1, experimento (b), para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1994.	93
34 Valores médios de toneladas de cana por hectare (TCH) com o respectivo diferencial de seleção de cada família no Ensaio 1, experimento (b); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1994.	94
35 Quadrados médios da análise de variância do Ensaio 2, experimento (b), para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1995.	95
36 Quadrados médios da análise de variância do Ensaio 3, experimento (b), corte 1, para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Itacemápolis, 1996.	96
37 Valores médios de toneladas de cana por hectare (TCH), no corte 1 do Ensaio 3, em função da classificação das famílias e da classe da avaliação visual entre plantas dentro de famílias no Ensaio 1; cana-de-açúcar; Itacemápolis, 1996.	97

LISTA DE FIGURAS

	Página
1 Distribuição fenotípica (genotípica) de um caráter quantitativo.	10
2 Comparativo dos esquemas de seleção sequencial conforme modelo original (A) e o empregado na Austrália (B). No eixo Y tem-se a taxa de seleção entre plantas e no eixo X o agrupamento das famílias com o valor médio do caráter classificado de forma decrescente. Entre parênteses tem-se a freqüência de famílias em cada grupo. A taxa de seleção final foi de 0,15.	24
3 Fluxograma do experimento (a)	34
4 Fluxograma do experimento (b)	38
5 Comparação entre os esquemas de seleção sequencial conforme modelo tradicional (A), o empregado na Austrália (B) e o proposto neste trabalho (C), todos com taxa de seleção de 0,15. No eixo Y tem-se a taxa de seleção entre plantas dentro de famílias e no eixo X o agrupamento das famílias com o valor médio do caráter classificado de forma decrescente. Entre parênteses tem-se a freqüência de famílias em cada grupo.	49
6 Valores médios de toneladas de Brix por hectare (TBH) das famílias nas localidades de Piracicaba e Jaú; cana-de-açúcar, 1993.	62
7 Taxas de seleção dentro de família conforme método de seleção sequencial modificado para uma taxa final de seleção de 0,15. Caracteres avaliados: altura, diâmetro, Brix, número de perfilhos, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.	83

- 8** Resposta à seleção massal (RS_m) e à seleção sequencial modificada (RS_{sm}) expressa em valores relativos a RS_m com seleção direta ($r_G = 1,0$), para os caracteres toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) em diferentes níveis de correlação genética (r_G); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.....88
- 9** Acréscimo de resposta esperada à seleção (A), variação de tamanho na população da etapa I (B) e número de clones na etapa final do processo seletivo (C), na comparação entre os métodos de seleção massal e sequencial modificado, sob diferentes níveis de correlação genética entre a avaliação visual e a produtividade em toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.91
- 10** Regressão entre os valores médios do caráter toneladas de cana por hectare observados (TCH observado) no Corte 1 do Ensaio 3 e seus correspondentes (TCH regressão), estimados pela regressão linear múltipla relacionando o TCH (variável dependente) com as classes de seleção entre e dentro de famílias praticadas no Ensaio 1 (variáveis independentes); cana-de-açúcar; Iracemápolis, 1996.99
- 11** Taxas de seleção dentro de famílias conforme método de seleção sequencial modificado, para uma taxa final igual a 0,15, considerando a seleção para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH), na condição de resposta esperada, em três situações de correlação genética e de resposta realizada à seleção; cana-de-açúcar; Iracemápolis, 1996. 100

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

Letras gregas:

$\sigma_{\bar{F}}$ - desvio padrão fenotípico das médias das famílias;

σ_F - desvio padrão fenotípico de plantas individuais;

σ_w - desvio padrão fenotípico dentro de famílias;

σ - desvio padrão fenotípico;

σ_{ew}^2 - variância ambiental entre plantas dentro de parcelas;

σ_{fa}^2 - variância da interação entre famílias e ambientes;

$\hat{\sigma}_{b/a}^2$ - variância de blocos dentro de ambientes;

$\sigma_{\bar{F}}^2$ - variância fenotípica baseada em médias de parcela;

σ_F^2 - variância fenotípica baseada em plantas individuais;

σ_w^2 - variância fenotípica dentro de parcelas;

σ_G^2 - variância genética;

σ_f^2 - variância genotípica entre famílias;

σ_{gw}^2 - variância genética entre plantas dentro de parcelas;

Letras latinas:

I, J, K correspondem, respectivamente, o número de famílias, repetições e de indivíduos em cada parcela;

r_{Gw} - correlação genética dentro de famílias;

r_G - correlação genética;

i - diferencial de seleção estandardizado;

h_m^2 - herdabilidade baseada em médias de famílias;

h_i^2 - herdabilidade baseada em plantas individuais;

h_d^2 - herdabilidade entre plantas dentro de famílias;

k - número de observações por parcela;

RS_i - progresso esperado com a seleção combinada;

RS_m - progresso esperado com a seleção massal;

RS_f - progresso esperado com a seleção por famílias;

RS_{sa} - progresso esperado com a seleção sequencial empregada na Austrália;

RS_{sm} - progresso esperado com a seleção sequencial modificada;

RS_{st} - progresso esperado com a seleção sequencial tradicional;

h_X - raiz quadrada da herdabilidade de X ;

h_Y - raiz quadrada da herdabilidade de Y ;

E - taxa de seleção entre famílias;

D - taxa de seleção entre plantas, dentro de famílias;

V_a - variação entre locais;

$\bar{Y}_{...}$, $\bar{Y}_{i..}$, $\bar{Y}_{ij.}$ e Y_{ijk} - correspondem, respectivamente, à média geral, de famílias, de parcelas e de indivíduos dentro de parcelas;

CV – coeficiente de variação;

FA – interação famílias x ambientes;

G.L. – graus de liberdade;

PC – Porcentagem de sacarose na cana-de-açúcar;

Q.M. – quadrado médio;

QA – quadrado médio de ambientes;

QB – quadrado médio de blocos;

QBaj. – quadrado médio de blocos ajustados;

QC – quadrado médio de clones;

QD – quadrado médio dentro de parcelas;

QE – quadrado médio do erro experimental;

QF – quadrado médio de famílias;

QFA – quadrado médio da interação famílias x ambientes;

QG – quadrado médio de genótipos;

QGaj. – quadrado médio de genótipos ajustados;

QP – quadrado médio de padrões;

QPC – quadrado médio de padrões vs. Clones;

RC – resposta correlacionada;

Seedlings - O termo "seedlings", botanicamente, corresponde ao estágio de plântula apenas (antes da formação da terceira folha). Por convenção, nos centros de melhoramento da cana-de-açúcar, consideram-se "seedlings" também os indivíduos em desenvolvimento no campo originários desta plântula. Por isso, a planta avaliada na etapa I de seleção é também denominada de "seedling".

TAH – toneladas de açúcar por hectare;

TBH – toneladas de Brix por hectare. Medida indireta do teor de açúcar;

TCH – toneladas de cana por hectare;

TPH – toneladas de Pol por hectare. Medida direta do teor de açúcar;

SELEÇÃO SEQUENCIAL EM CANA-DE-AÇÚCAR

Autor: JOSÉ ANTONIO BRESSIANI

Orientador: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

RESUMO

Com a finalidade de avaliar o programa de melhoramento da cana-de-açúcar, este trabalho teve como objetivos: determinar o grau da interação famílias x ambientes (FA); comparar métodos de seleção na etapa inicial em termos de resposta esperada à seleção; e propor o método de seleção sequencial modificado. Para isso, foram avaliados 4752 "seedlings" pertencentes a 33 famílias (irmãs germanas e meia irmãs), em dois locais do Estado de São Paulo, a saber: Piracicaba e Jaú. Os caracteres considerados foram a altura e o diâmetro dos colmos, o número de perfilhos, Brix % caldo da cana, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH). Para validar a resposta esperada à seleção sequencial modificada, 40 famílias foram selecionadas por este método e os clones foram multiplicados até a etapa III do programa de melhoramento, a fim de fornecer a resposta realizada à seleção.

Os resultados mostraram interação FA significativa para todos os caracteres avaliados. A opção por uma seleção específica levaria a aumentos de ganhos de 4,1% e 5,8% para TBH, para Piracicaba e Jaú, respectivamente, em relação à seleção de famílias generalistas, ou seja, baseada na média dos dois locais.

A seleção sequencial modificada, proposta neste trabalho e a seleção combinada através de índices, apresentaram pouca vantagem em relação à seleção massal, na condição de seleção direta (sem avaliação visual). Nessas mesmas condições, a seleção sequencial tradicional e a australiana foram inferiores à seleção massal, em termos de progresso esperado, para todos os caracteres.

Admitindo a seleção indireta (com avaliação visual) o método sequencial modificado foi sempre superior à seleção massal, para os principais caracteres avaliados (TCH e TBH). Com os métodos australiano e tradicional, houve vantagem em relação à massal apenas quando a correlação genética entre a avaliação visual e o caráter principal foi igual ou inferior a 0,7. Dessa forma, e devido à dificuldade prática de utilizar índices (seleção combinada), concluiu-se que o método proposto de seleção sequencial modificada é perfeitamente viável, sendo, portanto, recomendado. Na comparação entre as respostas estimada e realizada com a seleção sequencial modificada, houve concordância dos resultados, na condição de r_G igual a 0,62. Isso veio reforçar a confiabilidade das estimativas obtidas no trabalho, bem como assegurar as vantagens do método proposto sobre os demais aqui investigados.

Se considerada uma correlação genética (r_G) entre o critério de avaliação visual e o caráter principal variando entre 0,5 e 0,7, a superioridade do método proposto em relação ao massal é da ordem de 3% a 5%, em termos de ganho esperado para TCH, em um ciclo de seleção. Para alcançar estes mesmos ganhos com a seleção massal, ter-se-ia que aumentar a população inicial entre 36% e 100%. Alternativamente, mantendo os mesmos tamanhos populacionais, o número provável de clones no final do processo seletivo seria aumentado em 85% a 150%, apenas com a substituição do método de seleção massal pelo sequencial modificado, na etapa inicial.

SEQUENTIAL SELECTION IN SUGARCANE

Author: JOSÉ ANTONIO BRESSIANI

Adviser: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

SUMMARY

Aiming at the evaluation of the sugarcane breeding program, this study had the following objectives: to determine the degree of the family x environments interaction (FE); to compare selection methods in the initial phase, in terms of expected response to selection, and to propose the modified sequential selection method. For this, 4752 seedlings, originated from 33 families (full-sibs and half-sibs), were evaluated in two sites of the State of São Paulo: Piracicaba and Jaú. The traits evaluated were stalk height and diameter, number of stalks, Brix % cane juice, tons of cane per hectare (TCH) and tons of brix per hectare (TBH). To validate the expected response to the modified sequential selection, 40 families were selected by this method and the clones were multiplied until phase III of the breeding program and the realized gains in selection measured.

The results showed significant FE interaction for all evaluated traits. The option for a site specific selection would increase gains by 4.1% and 5.8% for TBH in Piracicaba and Jau, respectively, in relation to the generalized family selections, that is, based on the average of the two sites.

The proposed modified sequential selection and the combined selection using indices showed little advantage over the mass selection using direct selection (without visual selection). In these conditions, the traditional sequential selection and the Australian one were inferior to the mass selection, in terms of expected progress, for all traits. Allowing for the indirect selection (with visual selection) the modified sequential method was always superior to the mass for the main traits evaluated (TCH and TBH). The Australian method and the Traditional one, were advantageous

in relation to the mass selection only when the genetic correlation between visual selection and the main trait was equal or inferior to 0.7. For this reason, and given the practical difficulty of applying indices (combined selection), it was concluded that the proposed method of modified sequential is perfectly viable and was recommended. Comparing the estimated and realized response of the modified sequential selection, there was correspondence of results, given r_G equals to 0.62. This result confirmed the reliance of the estimates obtained in this study, and assured the advantages of the proposed method over those compared.

Considering a genetic correlation (r_G), between the visual selection criterion and the main character, varying from 0.5 to 0.7, the superiority of the proposed method over the mass one, varies from 3 to 5%, in terms of expected gain, for TCH in one selection cycle. To obtain these same gains with mass selection, one would have to increase the initial population between 36% and 100%. Alternatively, keeping the same population sizes, the likely number in the end of the selection process would be increased in 85% to 150%, just with the substitution of the method of mass selection by the modified sequential one, in the initial phase.

1 INTRODUÇÃO

Os diferentes sistemas de seleção em cana-de-açúcar foram revisados por Skinner, et al. (1987). As metodologias de seleção ganharam importância quando os melhoristas passaram a conhecer mais sobre a herdabilidade dos caracteres envolvidos na produção e da necessidade da utilização de procedimentos estatísticos para a interpretação dos resultados, assim como o desenvolvimento de equipamentos para a quantificação do teor de açúcar e da produção de cana.

À medida que o conhecimento das herdabilidades do teor de açúcar e da produção de cana aumentou, os métodos de seleção foram mudando e os melhoristas passaram a ter uma compreensão melhor da importância de se ter mais de um ambiente para a seleção nas diferentes etapas.

Estudos em genética quantitativa, como os conduzidos por Brown et al. (1968 e 1969), Hogarth (1971a,b; 1977) e Hogarth et al. (1981), forneceram informações importantes que estão sendo utilizadas até hoje nos programas de seleção. Particularmente, estes estudos mostraram que a variância genética aditiva é mais importante que a não aditiva para a maioria dos caracteres de importância econômica, entre os quais o teor de açúcar, de fibra e a resistência às doenças. A principal exceção é para a produção de cana, em que as variâncias genéticas aditiva e não aditiva parecem estar em igual grau de importância. A implicação deste conhecimento foi na escolha dos genótipos para a realização dos cruzamentos, com base na performance do genótipo *per se*. Esta seleção apresentou sucesso para a maioria dos caracteres, exceto para a produção. Para este caráter em particular, a predição da performance da progênie teve uma probabilidade menor de sucesso e, para tanto, tem sido necessária a realização de um número grande de cruzamentos para que famílias e/ou indivíduos com alta produtividade sejam observados.

Estudos em genética quantitativa evidenciaram, também, a importância relativa dos genótipos, das interações genótipos x ambientes e do erro experimental para o valor fenotípico nas diferentes etapas da seleção. Skinner et al. (1987) apresentaram estimativas da herdabilidade no sentido amplo (grau de determinação genética) para diversos caracteres de plantas individuais e de famílias para a etapa inicial de seleção e para as subseqüentes, quando a parcela envolvida ainda era pequena. Para a produção de cana, a herdabilidade de plantas individuais foi menor ou igual a 0,17, mas ela aumentou para 0,75 para famílias na Austrália e para 0,48 em Fiji. Já para o teor de açúcar, as estimativas para plantas individuais variaram de 0,27 no Havaí e 0,65 na Austrália para 0,53 e 0,90, respectivamente, para famílias. Estes dados sugerem que a seleção para tonelagem de cana por hectare na base de plantas individuais deva ser ineficiente. Observou-se então, que um sucesso maior poderia ser alcançado utilizando-se a seleção de plantas individuais para o teor de açúcar e de famílias para a produção de cana.

A maioria dos programas de melhoramento utiliza populações grandes de indivíduos na primeira etapa, utilizando como processo a seleção fenotípica ou massal nesta fase. Tais programas apresentam sucesso relativo, já que os resultados da genética quantitativa sugerem que a eficiência na seleção seja baixa. Em função da importância e dos custos envolvidos nestas etapas iniciais, melhoristas têm se empenhado em buscar métodos de seleção mais eficientes e menos onerosos. Nesta filosofia, as pesquisas têm sido voltadas para a seleção por família e para a seleção combinada, que faz uso inicialmente da seleção por família e posteriormente da seleção individual estratificada dentro das melhores famílias. Na tentativa de se estabelecer parâmetros que permitam comparar estes procedimentos propôs-se a presente avaliação, que possui os seguintes objetivos:

- Mensurar a interação famílias x ambientes e sua influência nos ganhos com a seleção;
- Comparar os métodos disponíveis para a seleção na etapa I, em termos de resposta esperada à seleção, a saber: (a) seleção massal; (b) seleção por famílias, (c) seleção sequencial e; (d) combinada por meio de índices;

- Introduzir um novo modelo para a seleção sequencial, denominado Seleção Sequencial Modificada;
- Avaliar o efeito da avaliação visual sobre a eficiência da seleção massal e da seleção sequencial modificada;
- Comparar o ganho esperado com a seleção sequencial modificada praticado na etapa I com o ganho realizado na etapa III, para os caracteres TCH (tonelada de cana por hectare) e TBH (tonelada de Brix por hectare).

Ressalta-se que para estas inferências, foram consideradas as condições ambientais e de manejo no Estado de São Paulo e, também, a constituição genética do banco de germoplasma nacional.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Novas cultivares de cana-de-açúcar são produzidas por hibridação direcionada e, após obtenção de sementes sexuadas, são propagadas vegetativamente. A seleção é praticada em todas as fases do melhoramento: na escolha dos genitores, na escolha dos cruzamentos, nos cruzamentos após o teste de progênie e na população de indivíduos oriundos dos cruzamentos realizados. Existe uma série de fatores que afetam os diferentes sistemas de seleção. Alguns deles, como as interações entre genótipos e ambientes, a competição, o número de caracteres selecionados, bem como os aspectos econômicos desta seleção, devem ser cuidadosamente avaliados na escolha de qual procedimento deve ser adotado para uma seleção eficiente (Skinner et al., 1987).

O objetivo principal dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é prover novas cultivares que aumentem os lucros (ou reduzam as perdas) para os produtores, por um “longo” intervalo de tempo. A alta produção de açúcar por unidade de área, ou seja, toneladas de açúcar por hectare (TAH ou TPH) é o caráter mais importante. Os componentes envolvidos na tonelagem de açúcar são a tonelagem de cana por hectare (TCH) e o teor de açúcar da cana (PC – Pol da cana; Consecana, 2000). Ambos são de igual importância, sendo que a tonelagem de cana pode ser subdividida ainda nos componentes número de colmos por hectare e peso por colmo, este último sendo composto pelo diâmetro, pela altura e pela densidade. Outros caracteres de importância para o cultivo incluem a brotação rápida, vigorosa e prolongada da soqueira, a tolerância à seca e ao frio, o hábito ereto e a ausência de florescimento dos colmos, além da adaptabilidade à colheita mecânica. A resistência às doenças, principal fator de substituição de cultivares, e a resistência às pragas também são muito importantes, assim como os caracteres de industrialização como o tipo e o teor de fibra.

A seleção na etapa inicial, em que os indivíduos são originários de sementes sexuadas, denominados de “seedlings”¹ pelos melhoristas, é a que apresenta a menor eficiência quando comparada com as demais etapas. Isto ocorre devido às baixas herdabilidades no sentido amplo para a maioria dos caracteres e aos altos gastos associados ao longo tempo necessário para a avaliação de todos os indivíduos para um grande número de caracteres. A maioria dos melhoristas de cana-de-açúcar concorda que a seleção nesta etapa deveria ser bastante liberal. Para esta fase foram desenvolvidos vários procedimentos de plantio e seleção, que serão melhor enfocados a seguir.

2.1 Procedimentos de Plantio

2.1.1 Plantio agrupado

A técnica do plantio agrupado consiste em reunir vários indivíduos em uma única cova ou touceira (Mangelsdorf, 1953; Urata, 1970). Ela é utilizada em alguns países, em que os programas apresentam limitações de área para o plantio. A maior parte dos programas de melhoramento fazem uso do plantio individual dos “seedlings”.

Experimentos comparando estes dois sistemas de plantio foram realizados em vários países. Skinner et al. (1987) comentam que, em geral, tais sistemas são ineficientes e que a eficiência do programa provavelmente depende não da escolha entre plantio individual ou agrupado, mas sim das taxas de seleção adotadas em ambos, além dos procedimentos a serem seguidos nas etapas subsequentes.

¹ O termo “seedlings”, botanicamente, corresponde ao estágio de plântula apenas (antes da formação da terceira folha). Por convenção, nos centros de melhoramento da cana-de-açúcar, consideram-se “seedlings” também os indivíduos em desenvolvimento no campo originários desta plântula. Por isso, a planta avaliada na etapa I de seleção é também denominada de “seedling”.

A escolha por plantio agrupado ou individual é influenciada pelo tipo e sistema de cruzamento. O plantio agrupado reduz a área de plantio e o custo com a seleção, mas necessita de 5 a 20 vezes mais “seedlings” para a mesma área. Desta forma o plantio individual é recomendado quando a produção de sementes passa a ser um fator limitante. A seleção natural nos plantios agrupados não se mostrou diferente da seleção ao acaso, no que diz respeito aos caracteres de importância.

Um outro ponto negativo a ser atribuído ao plantio agrupado diz respeito à disponibilidade de mudas para o plantio da etapa seguinte. Por serem plantados vários genótipos em uma única cova, a quantidade de mudas a ser obtida do genótipo selecionado será limitada a um único colmo. Em outras palavras o tamanho da parcela na etapa II poderá ter, no máximo, dois metros lineares, e na maioria das vezes a parcela possuirá apenas um metro linear. No plantio espaçado esta mesma parcela poderá ter até seis metros, uma vez que todos os colmos da touceira podem ser multiplicados, já que pertencem a um mesmo genótipo.

2.1.2 Plantio individual

No plantio individual os “seedlings” são espaçados uns dos outros na linha de plantio. De maneira geral, a competição entre plantas acarretará uma seleção ineficiente. Sob alta competição, indivíduos com alta habilidade para competir serão freqüentemente os escolhidos e os indivíduos com potencial para uma alta performance em condição isolada serão descartados (George, 1965; Bos & Caligari, 1995). É consenso geral entre os melhoristas que os “seedlings” de cana-de-açúcar deveriam ser plantados espaçados entre plantas na linha, o suficiente para amenizar esta competição (Breaux & Miller, 1987).

O ambiente (espaçamento) ideal para a seleção nesta etapa inicial deve ser aquele que permita predizer com qualidade e com facilidade de discriminação a produção em TPH dos diferentes genótipos (Hamblin et al., 1980). Vela-Cardenas & Frey (1972) recomendaram o uso das estimativas de herdabilidade e do ganho genético de seleção como indicadores do ambiente ideal para esta seleção. O ambiente “ótimo” será aquele que maximize estas estimativas.

Skinner (1961) observou que em parcelas pequenas de cana-de-açúcar, as diferenças genéticas para a habilidade de produção foram muito maiores que as diferenças reais. Tovey et al. (1973) destacaram que a competição por luz é muito importante nas avaliações quando as parcelas são pequenas.

Souza-Vieira & Milligan (1999), trabalhando com diferentes espaçamentos entre plantas na linha, na Louisiana (EUA), observaram que a resposta de seleção aumentou consideravelmente quando o espaçamento passou de 41 para 82 cm, para os caracteres altura de planta, número de perfilhos, peso de colmos e peso da planta. A seleção de famílias, considerando o espaçamento entre plantas de 82 cm, foi 31% mais eficiente quando comparada com a mesma seleção no espaçamento de 41 cm entre as plantas na linha. Uma vez que a variância da interação entre famílias e ambientes (FA) mostrou-se inferior às demais fontes de variação, observou-se que a eficiência do ensaio variou basicamente em função do número e do espaçamento dos indivíduos na família. Resultados semelhantes foram observados por Chang & Milligan (1992b).

2.2 Tamanho da população inicial

As populações utilizadas para a seleção geralmente são produzidas por cruzamentos de cultivares comerciais e/ou clones pré-comerciais. Estes cruzamentos são denominados biparentais, quando envolvem dois clones e multiparentais ou policruzamentos quando envolvem um número maior de clones. Estes cruzamentos geram populações com variabilidade genética devido à heterozigose dos clones. Por exemplo, considerando uma população diplóide, se o clone 1 tiver o genótipo A_1A_2 e o clone 2 o genótipo A_3A_4 no mesmo loco, o cruzamento destes clones irá gerar quatro genótipos diferentes, isto é: A_1A_3 , A_1A_4 , A_2A_3 e A_2A_4 , com freqüências iguais a $\frac{1}{4}$. Assim, se estes dois clones de uma espécie diplóide diferirem em apenas 20 locos, com dois alelos diferentes em cada loco, o número de gametas diferentes que cada clone produz é 2^{20} e, portanto, o número de genótipos diferentes oriundos deste cruzamento é de $2^{20} \cdot 2^{20} = 2^{40} \cong 10^{12}$, o que é uma variabilidade genética considerável. Então, a magnitude da variância

genética (σ_G^2) liberada no cruzamento entre clones é função da heterozigose e do número de alelos diferentes por loco em cada clone (Souza Jr., 1995).

Skinner et al. (1987) compararam o tamanho da população de “seedlings” de vários programas de melhoramento. Eles mostraram a existência de uma grande diferença em termos de tamanho e destacaram que, na maior parte destes, a grande maioria dos indivíduos é descartada logo na primeira etapa e a seleção é feita com base em caracteres de importância (como a TCH) que apresentam baixas herdabilidades.

Hogarth et al. (1997) citaram que é importante testar um número muito grande de famílias na etapa inicial de seleção ao invés de um número grande de “seedlings” de um ou poucos cruzamentos experimentais. Isto ocorre devido à importância da variância genética não aditiva para a tonelagem de cana por hectare que torna muito difícil a predição da produção nas famílias de “seedlings”. Com o teste de um número grande de famílias em ensaios com repetições torna-se possível a identificação das famílias mais produtivas. Estas famílias podem, então, ser replantadas em maior quantidade de “seedlings” em anos subsequentes.

Melhor do que comparar o tamanho inicial dos programas de melhoramento é os melhoristas compararem o tamanho efetivo destes programas. Hogarth et al. (1997) comentaram que o tamanho efetivo deveria ser avaliado apenas na etapa em que os indivíduos são pesados, correspondendo à coleta de dados mais objetivos.

Simmonds (1996), fazendo inferências sobre o tamanho ideal para a quantidade de famílias a serem avaliadas, citou que as melhores famílias seriam aquelas com médias superiores a três vezes o desvio padrão da população, ou seja, $+3\sigma$. Ocorre que, mesmo existindo, pela distribuição normal teórica, famílias superiores a $+3\sigma$ podem não ser uma realidade biológica, pois tal extremo (“a melhor família”) pode ser difícil e muito caro de se obter. No entanto, uma amostra com 200 famílias e com 200 “seedlings” em cada uma terá, em média, as melhores cinco famílias com média $> 2\sigma$ e, em cerca de 50% das famílias, pelo menos cinco genótipos excederão este valor. O autor termina por concluir, então, que 200 famílias

com 200 plantas cada não constituem um “número mágico”, mas é grande o suficiente para possibilitar uma boa seleção.

2.3 Procedimentos de seleção

2.3.1 Considerações gerais sobre seleção de clones em espécies de propagação vegetativa.

Conforme Souza Jr. (1995), a distribuição dos dados de um caráter quantitativo freqüentemente se ajusta a uma distribuição normal, como representado na **Figura 1**. Para um caráter complexo como a produtividade (TCH), por exemplo, geralmente estes dados referem-se às médias de tratamentos que foram avaliados em experimentos com repetições em diversos locais e/ou condições de ambiente. Assim, estas médias, que são valores fenotípicos, aproximam-se dos respectivos valores genotípicos e as variações das interações dos genótipos com ambientes são diminuídas devido ao uso de repetições e avaliações em diversos ambientes. Desta forma, pode-se considerar que a distribuição dos valores médios fenotípicos representada na **Figura 1** refere-se, também, à distribuição dos valores genotípicos.

Neste tipo de distribuição tem-se os genótipos inferiores alocados à esquerda, os genótipos medianos ao redor da média da população e os genótipos superiores alocados à direita da curva, em cuja extremidade deve se encontrar o genótipo superior deste caráter.

O objetivo dos programas de melhoramento genético é o de identificar, selecionar e multiplicar o genótipo superior de uma população, de forma que este venha a ser cultivado pelos agricultores, isto é, torne-se uma cultivar. Na cana-de-açúcar o genótipo de cada planta pode ser transmitido integralmente através das gerações e multiplicado via clonagem, através dos colmos. Assim, o genótipo de cada planta é multiplicado para permitir avaliações com altos níveis de precisão, permitindo a classificação dos genótipos das plantas clonadas e posteriormente, a seleção e a multiplicação dos indivíduos superiores. Para ser liberado como uma cultivar o genótipo superior deve se situar próximo da extremidade da distribuição para diversos caracteres, simultaneamente.

Figura 1 - Distribuição fenotípica (genotípica) de um caráter quantitativo.

Neste tipo de processo seletivo, explora-se toda a variabilidade genética presente na população. A resposta à seleção é (Souza Jr., 1989):

$$Rs = iCovG(x, y) / \sigma_{\bar{F}_x} ;$$

em que i é o diferencial de seleção estandardizado, $CovG(xy)$ é a covariância genética do caráter nos clones avaliados na geração n e n' , e $\sigma_{\bar{F}_x}$ é o desvio padrão fenotípico das médias dos clones avaliados na geração n .

A taxa de seleção aplicada é baixa quando apenas um ou alguns poucos genótipos são selecionados dentre centenas ou milhares de genótipos avaliados. Por sua vez, a covariância genética entre os genótipos avaliados nas diferentes gerações é (Souza Jr., 1989):

$$CovG(x, y) = 2r_{xy}\sigma_A^2 + \mu_{xy}\sigma_D^2 = \sigma_G^2$$

ao nível intrapopulacional e r_{xy} e μ_{xy} referem-se às probabilidades de x e y possuírem alelos e genótipos idênticos por descendência, e σ_A^2 , σ_D^2 e σ_G^2 correspondem às variâncias genéticas aditiva, dominante e total, respectivamente. No caso, estão sendo considerados inclusive os efeitos epistáticos decorrentes

das interações alélicas. Como neste tipo de seleção os genótipos são reproduzidos integralmente através das gerações, todos os efeitos gênicos são aproveitados. O desvio padrão fenotípico das médias dos tratamentos avaliados em diversos locais e anos corresponde à raiz quadrada da variância fenotípica, que é:

$$\sigma_{\bar{F}x}^2 = \sigma_G^2 + \frac{\sigma_{GL}^2}{L} + \frac{\sigma_{GA}^2}{A} + \frac{\sigma_{GLA}^2}{LA} + \frac{\sigma_E^2}{RLA},$$

em que σ_G^2 , σ_{GL}^2 , σ_{GA}^2 , σ_{GLA}^2 e σ_E^2 correspondem às variâncias genéticas, das interações genótipos por locais, genótipos por anos, genótipos por locais e anos e do erro experimental, respectivamente; L , A e R referem-se ao número de locais, anos e repetições, respectivamente.

O coeficiente apropriado da herdabilidade de plantas individuais é:

$$h_i^2 = \sigma_G^2 / \sigma_F^2,$$

e de médias de clones é:

$$h_{\bar{x}}^2 = \sigma_G^2 / \sigma_{\bar{F}}^2,$$

na qual: $\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2$ e $\sigma_{\bar{F}}^2 = \sigma_G^2 + \frac{\sigma_E^2}{R}$ para um ambiente, e

$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_{GL}^2 + \sigma_E^2$ e $\sigma_{\bar{F}}^2 = \sigma_G^2 + \frac{\sigma_{GL}^2}{L} + \frac{\sigma_E^2}{RL}$ para L ambientes, sendo que R e L referem-se ao número de repetições e locais (ambientes), respectivamente.

A resposta à seleção, então, é:

$$RS_i = i \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \text{ para a seleção individual, e}$$

$$RS_{\bar{x}} = i \frac{\sigma_G^2}{\sigma_{\bar{F}}^2} \text{ para a seleção baseada na média de clones.}$$

Após os cruzamentos, a população gerada passa por uma seleção individual para os caracteres de alta herdabilidade, descartando-se as plantas em que estes caracteres estão abaixo dos níveis mínimos exigidos. Geralmente, nesta

fase tem-se milhares de plantas e aquelas selecionadas são clonadas para se iniciar a avaliação em experimentos com repetições. Inicialmente, tem-se muitos genótipos e pouco material de cada genótipo e, devido a isso, utilizam-se parcelas pequenas com poucas repetições e em geral apenas um local. A precisão experimental é baixa e não permite que a taxa de seleção seja reduzida, tendo-se na realidade apenas descarte de genótipos inferiores. À medida que o número de entradas (genótipos) diminui gradativamente com as etapas de seleção, aumenta-se, de forma gradativa, o número de repetições, o número de locais em avaliação e, também, utilizam-se parcelas maiores. Assim, aos poucos, aumenta-se a precisão experimental e consequentemente diminui-se a taxa de seleção em cada etapa de avaliação. Nas avaliações finais têm-se poucos genótipos, as parcelas são maiores, o número de repetições por local e o número de locais são elevados de forma que a precisão experimental é alta o suficiente para permitir identificar e selecionar “o genótipo superior” (Souza Jr., 1989).

A seleção, portanto, é praticada em etapas, de forma que à medida que aumenta a quantidade de repetições por genótipo, aumenta-se a precisão experimental e, consequentemente, reduz-se a taxa de seleção até o ponto em que é possível identificar com precisão o genótipo ou genótipos superiores.

2.3.2 Etapas da seleção clonal em cana-de-açúcar

A **Tabela 1** apresenta, de forma resumida, as diferentes etapas no programa de seleção clonal da Copersucar no ano de 2000. Observa-se que o processo seletivo ocorre em seis etapas. Na unidade de seleção da etapa inicial, o genótipo é representado por uma única planta (poucos colmos em uma touceira). Este genótipo encontra-se repetido uma só vez e em um único ambiente. Nas etapas subsequentes o tamanho da parcela aumenta, como também aumentam o número de repetições e o número de locais até chegar na etapa final, em que cada genótipo é plantado em parcelas grandes (cinco sulcos com dez metros de comprimento cada), com três repetições, em dezoito locais agrupados em cinco ambientes de produção e caracterizados em, no mínimo, duas diferentes épocas de corte. De

forma inversa, a quantidade de genótipos em seleção reduz drasticamente entre as etapas de seleção (de trezentos mil na etapa I para dezessete clones na etapa VI).

Considerando-se o número de etapas e de cortes em cada etapa, observa-se que este processo de seleção clonal leva cerca de 13 anos para identificar “o melhor genótipo”, em uma população inicial de 300 mil. É justamente nesta estrutura como um todo que esforços vêm sendo aplicados no sentido de aumentar a eficiência do processo seletivo e, conseqüentemente, reduzir sua duração através da eliminação de uma ou mais etapas.

Tabela 1. Programa de seleção clonal da Copersucar, em 2001.

Etapa	Forma	Parcela (m ²)	Repetições	Ambientes	Cortes	Clones	Taxa
I	Touceira	0,84	1	1	1	300.000	0,15
II	(1x4)	5,60	1	1	1	45.000	0,12
III	(5x6)	42,00	1	1	2	5.400	0,13
IV	(5x8)	56,00	2	2	2	700	0,15
V	(5x8)	56,00	2	12	2	105	0,16
VI	(5x10)	70,00	3	18	2	17	

Forma – o primeiro número refere-se ao n.º de sulcos e o 2º refere-se ao comprimento útil de cada sulco;

Fonte: CENTRO DE TECNOLOGIA COPERSUCAR. **Planejamento de atividades da fitotecnica 2001.** Piracicaba, 2001. p.61 (Publicação Interna).

2.3.3 Seleção individual ou massal

Na seleção individual as plantas são selecionadas apenas de acordo com seus valores fenotípicos. Este método é, usualmente, o mais simples para operar e, em muitas circunstâncias, produz a resposta mais rápida. Deveria, portanto, ser usado, exceto quando houver boas razões para se preferir outro método. A seleção massal é um termo freqüentemente utilizado para a seleção individual (Falconer & Mackay, 1996).

Na seleção individual, a unidade de seleção é a planta e a resposta à seleção (RS_m), como descrito anteriormente, é dada por:

$$RS_m = i \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F},$$

em que i corresponde ao diferencial de seleção standardizado; σ_G^2 é a variância genética; e σ_F corresponde ao desvio padrão fenotípico de plantas individuais. Considerando que:

$$i = \frac{S}{\sigma_F}, \text{ com } S \text{ correspondendo ao diferencial de seleção; e}$$

$h_i^2 = \sigma_G^2 / \sigma_F^2$, sendo que h_i^2 mede a herdabilidade do caráter de plantas individuais, temos que (Falconer & Mackay, 1996):

$$RS_m = i \sigma_F h_i^2$$

A avaliação visual realizada na maioria dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, na etapa de “seedlings”, é processada de forma indireta, ou seja, baseia-se em caracteres secundários para selecionar o caráter principal (respostas correlacionadas à produção), possuindo eficiência restrita, pois é praticado em plantas individuais, nas quais os caracteres apresentam baixa herdabilidade (Skinner, 1982). Embora, nesta condição, fosse preferível a seleção direta para o caráter de importância, a seleção normalmente é feita não para ele, mas, sim para caracteres correlacionados, tendo facilitada a sua aplicação. Estes caracteres são a altura das plantas, o diâmetro, o número de perfilhos e o Brix.

Nesta condição de seleção indireta, a resposta à seleção passa a ser uma resposta correlacionada (RC) e conforme Falconer & Mackay (1996) é dada por:

$$RC_Y = i h_X h_Y r_G \sigma_{FY}$$

em que X representa o critério de avaliação visual e Y é o caráter principal; h_X corresponde à raiz quadrada da herdabilidade de X ; h_Y corresponde à raiz quadrada da herdabilidade de Y ; r_G é a correlação genética entre X e Y ; e σ_{FY} mede o desvio padrão fenotípico do caráter Y .

O termo $h_X h_Y r_G$, denominado de co-herdabilidade, é equivalente a h_i^2 na equação de resposta à seleção individual direta, apresentada anteriormente ($RS_m = i\sigma_F h_i^2$).

A avaliação visual na etapa de “seedlings” deveria ser considerada como um método de “screening”, com o objetivo apenas de eliminar os indivíduos realmente desfavoráveis. Dessa forma, espera-se que a seleção para os caracteres de importância, incluindo aqueles de baixa herdabilidade, seja eficiente para a população como um todo, apesar da baixa eficiência em termos de plantas individuais.

O sucesso de um programa de melhoramento irá depender da quantidade de variabilidade genética existente na população base a ser explorada, da herdabilidade do caráter que está sendo melhorado e da extensão do ganho genético possível para este caráter. Na etapa de “seedlings”, em que os coeficientes de herdabilidade considerando plantas individuais são baixos, a taxa de seleção deveria ser alta.

De acordo com Dudley & Moll (1969), a estimativa da variância genética, da covariância genética, da herdabilidade e do ganho de seleção são fundamentais em qualquer programa de melhoramento vegetal, uma vez que permitem que se possa responder às questões mais pertinentes relacionadas ao melhoramento, que são: (1) Existe variância genética suficiente dentro do banco de germoplasma de forma a permitir o melhoramento de um caráter de importância econômica?; (2) Qual o gasto (em termos de anos, locais, repetições, etc.) para se testar um material experimental?; (3) Qual seria o método que, mais eficiente e rapidamente, produziria um ganho aceitável no caráter que se deseja melhorar?; (4) Será o método empregado igualmente eficiente no melhoramento de todos os caracteres?

Estimativas de herdabilidade com plantas individuais e com famílias, adaptadas de Skinner et al. (1987), encontram-se na **Tabela 2**. Estas são para a etapa inicial com o plantio de “seedling” ou plantio de colmos, com tamanho de parcela equivalente. Observa-se que, embora os valores tenham apresentado diferenças expressivas entre os ambientes, podem ser observadas estimativas de

baixa magnitude com plantas individuais para a maioria dos caracteres, exceto para a resistência ao carvão e à ferrugem e para Brix. Já os valores das estimativas da herdabilidade com famílias mostram-se bastante superiores. Como implicação, temos que, para estas etapas iniciais, a seleção com plantas individuais deveria basear-se apenas nos caracteres com alta herdabilidade, como é o caso de Brix e da resistência ao carvão e à ferrugem. Convém ressaltar que a seleção para caracteres de importância, com baixa herdabilidade baseada em plantas individuais, também é efetiva para melhorar a população, mas poderia ser ainda mais eficiente se fosse realizada na base de famílias.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidades no sentido amplo baseadas em plantas individuais e em famílias (entre parênteses), adaptada de Skinner et al. (1987).

Caráter	País			
	Austrália	Havaí	Fiji ^a .	Argentina
Tonelada de cana por hectare	0,17 (0,75)		(0,48)	0,10
Tonelada de Brix por hectare	0,16 (0,76)			
Brix *	0,65 (0,90)	0,27 (0,53)	(0,43)	
Perfilhos	0,26 (0,90)	0,13 (0,51)	(0,53)	0,06
Diâmetro		0,30 (0,71)	(0,70)	0,44
Altura	0,32 (0,84)	0,21 (0,40)	(0,54)	0,24
Volume		0,10 (0,39)		
Ferrugem	0,51 (0,93)			
Carvão		0,56 (0,84)		

^a Determinou-se o teor de sacarose e não o Brix; * Brix – porcentagem de sólidos solúveis no caldo da cana.

2.3.4 Seleção de famílias

Na seleção de famílias, progênies inteiras são selecionadas ou rejeitadas como unidade, de acordo com seu valor fenotípico médio. Valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam a média das famílias. Em outras palavras, aos desvios dentro da família são dados pesos zero (Falconer & Mackay, 1996).

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

Por outro lado, a variação do ambiente comum aos membros da família diminui a eficiência de sua seleção. Se este componente for grande ele tenderá a confundir as diferenças genéticas entre as famílias, tornando a seleção ineficiente. Outro fator importante, na eficiência da seleção de famílias, diz respeito ao número de indivíduos na família. Quanto maior for o seu tamanho maior será a correspondência entre o valor fenotípico médio e o valor genotípico médio. Dessa forma, as condições que irão favorecer a seleção de famílias são: baixa herdabilidade, pequenas variações atribuídas ao ambiente comum e famílias grandes (Falconer & Mackay, 1996).

O teste de progênie, método de seleção amplamente aplicado no melhoramento, pode ser considerado como uma forma de seleção de famílias, uma vez que o critério da seleção, como o próprio nome implica, é o valor médio da progênie de um indivíduo (Falconer & Mackay, 1996).

A resposta esperada sob seleção de famílias é obtida de forma análoga à seleção individual. Na seleção de famílias, o critério de seleção é o valor fenotípico médio dos membros da família, e assim a resposta esperada para a seleção é (Falconer & Mackay, 1996):

$$RS_f = i\sigma_{\bar{F}}h_{\bar{F}}^2$$

na qual i é o diferencial de seleção estandardizado; $\sigma_{\bar{F}}$ é o desvio padrão fenotípico das médias das famílias; e $h_{\bar{F}}^2$ é a herdabilidade das médias de famílias.

Como já destacado anteriormente, os efeitos ambientais são usualmente grandes na primeira etapa de seleção. Nesta situação, tanto a seleção massal

(individual), com alta taxa de seleção, quanto a seleção por famílias podem ser utilizadas. Como já observado na **Tabela 2**, as estimativas de herdabilidade em sentido amplo são baixas para a maioria dos caracteres baseada em plantas individuais e aumentam consideravelmente com famílias.

Espera-se que a seleção individual, para a maioria dos caracteres de importância econômica, seja ineficiente, uma vez que cerca de 80% da variação é devida a fatores ambientais e apenas os 20% restantes são devidos a fatores genéticos. Em contraste, a seleção de famílias para estes caracteres deve ser efetiva, pois 75% a 80% da variação fenotípica entre as famílias são devidos a fatores genéticos. Latter (1964) argumentou que, quando a herdabilidade exceder 0,5, a seleção com base no indivíduo tende a ser superior à seleção com base na família. Com base neste argumento, a seleção individual seria superior para Brix e para a resistência ao carvão e à ferrugem (**Tabela 2**) e a seleção por família seria mais recomendada para a tonelagem de cana e para a tonelagem de Brix (TBH). Kojima & Kelleher (1963) recomendaram a seleção de famílias sempre que a variância fenotípica das plantas individuais fosse maior que “C” vezes a variância fenotípica das médias. O valor de “C”, para os autores, corresponde ao inverso da quantidade da variância genética presente entre as famílias relativa à variância genética total.

Hogarth (1971b) sugere que a seleção por famílias deve ser mais eficiente que a seleção massal na primeira etapa de seleção. No entanto, como naquela época as famílias tinham que ser colhidas e pesadas manualmente o custo tornava-se proibitivo. Com o aparecimento de máquinas para o corte e a pesagem dos materiais nos ensaios na Austrália (Hogarth & Mullins, 1989), houve uma oportunidade de se investigar a teórica vantagem para a seleção de famílias em experimentos mais detalhados. Foi quando uma quantidade grande de pesquisas, envolvendo a seleção por família, teve início. Além da Austrália, pioneira nessa linha de pesquisa, o interesse pela seleção de famílias foi evidente na Indonésia (Sukarso, 1986), Cuba (Ortiz & Caballero, 1989), África do Sul (Bond, 1989), Havaí (Wu & Tai, 1989), Flórida (Tai & Miller, 1989) e na Louisiana (Chang & Milligan, 1992a,b).

Jackson et al. (1995) apresentaram uma revisão sobre a seleção por famílias descrevendo a implantação deste tipo de seleção nos programas de melhoramento regionais na Austrália. Eles concluíram que a seleção por famílias teve boa adaptação ao sistema de colheita e pesagem mecanizados desenvolvidos naquele país, otimizando o trabalho empregado e mostrando-se superior à seleção massal na maior parte das situações. Simmonds (1996) encorajou o uso da seleção por famílias e destacou que a mesma, até aquela época, estava sendo utilizada rotineiramente apenas na Austrália.

Hogarth et al. (1990) comentaram que a seleção por famílias é particularmente útil nas situações em que o crescimento da cultura tem de ser restringido, com a finalidade de prevenir o acamamento para possibilitar a avaliação visual. Ao se restringir o crescimento ocorre uma alteração significativa na classificação dos clones e é possível que os clones mais produtivos não sejam selecionados. Os autores comentam que este trabalho foi realizado na região de Burdekin, na Austrália, de alta produtividade e em que o acamamento ocorre frequentemente. O progresso com a seleção nesta região, considerado baixo quando comparado com as demais regiões na Austrália, poderia estar acontecendo devido ao fato de a seleção ser realizada precocemente. Com a introdução da seleção por famílias e a pesagem das parcelas em todas as etapas de seleção, os ganhos com a seleção tornaram-se expressivos.

2.3.4.1 Interação famílias por ambientes

Um ponto favorável à seleção por família, quando comparada com a seleção individual, é que o seu desempenho pode ser mensurado em vários ambientes ainda nas etapas iniciais do processo seletivo. Esta possibilidade é de grande importância se as interações genótipos x ambientes forem altas entre os diferentes locais que abrangem o programa de melhoramento.

A importância da interação famílias x ambientes x estádios de corte tem sido estudada na Austrália por Hogarth & Bull (1990) e Bull et al. (1992) na região de Bundaberg, por Jackson et al. (1995a,b) na região do rio Hebert e por McRae & Jackson (1995) na região de Burdekin. Nos estudos realizados nas regiões de Bundaberg & Hebert as interações famílias x ambientes mostraram-se tão

importantes quanto o efeito das famílias para a produção de cana, o que já não ocorreu para o teor de açúcar. Na região de Burdekin a interação famílias x ambientes não foi significativa. Nessas três regiões não houve significância na interação famílias x estádios de corte. Como resultado destes estudos, as famílias passaram a ser plantadas rotineiramente em dois ou mais ambientes nas regiões de Bundaberg e Hebert. No entanto, os autores observaram que, quando se plantou um número muito grande de famílias, em dois ambientes na região de Bundaberg, não houve interação famílias x ambientes. Concluiu-se, então, que o desempenho da família foi menos influenciado pelo ambiente do que o observado no experimento. Jackson et al. (1995b) relataram que o nível de vários nutrientes de solo, particularmente o cálcio e o zinco, parecem interferir na interação famílias x ambientes. Se o nível de nutrientes for confirmado como o principal agente dessa interação, a sua correção, antes do plantio, pode minimizar a sua magnitude.

2.3.5 Seleção entre e dentro de famílias

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

Lush (1947) havia demonstrado que a seleção de famílias é mais eficiente sempre que $t < [r^2 - (1-r)^2 / N]$, em que t é a relação entre a variância fenotípica de médias de famílias de “tamanho infinito” e a variância fenotípica entre indivíduos de diferentes famílias (correlação fenotípica intraclasse) e r é a correspondente genética de t (correlação genotípica intraclasse). Simplificando, a seleção de famílias só será mais eficiente que a massal quando a herdabilidade baseada nas médias de famílias for superior à herdabilidade com plantas individuais.

A resposta esperada para a seleção entre e dentro de famílias é (Falconer & Mackay, 1996):

$$RS_s = RS_f + RS_d ,$$

na qual: RS_f corresponde à resposta à seleção entre famílias, já definida anteriormente e RS_d corresponde à resposta à seleção dentro de famílias, que é obtida da seguinte forma:

$$RS_d = i\sigma_w h_w^2,$$

em que σ_w é o desvio padrão fenotípico dentro de famílias e h_w^2 é a herdabilidade associada aos desvios.

Considerando a seleção dentro das famílias realizada de forma visual, tem-se a resposta correlacionada à seleção (RC), como apresentado para a seleção massal. Dessa forma a resposta total à seleção é dada por:

$$RS_s = RS_f + RC_d$$

com:

$$RC_{d(Y)} = ih_{w(X)}h_{w(Y)}r_{Gw}\sigma_{w(Y)}$$

na qual X representa o critério de avaliação visual e Y é o caráter principal; $h_{w(X)}$ corresponde à raiz quadrada da herdabilidade dentro de famílias para X ; $h_{w(Y)}$ corresponde à raiz quadrada da herdabilidade dentro de famílias para Y ; r_{Gw} é a correlação genética dentro de famílias entre X e Y ; e σ_{wY} mede o desvio padrão fenotípico dentro das famílias para o caráter Y .

O esquema da seleção entre e dentro de famílias, na sua estrutura tradicional, consiste em tomar as melhores plantas dentro das melhores famílias. Na ocasião em que foi proposto, este esquema foi considerado um marco da genética aplicada por seu sucesso no melhoramento populacional de milho (Paterniani & Miranda Filho, 1987).

Segundo McRae et al. (1993) e Cox et al. (1996), em cana-de-açúcar, a combinação da seleção por famílias com a seleção massal é mais eficiente que a seleção por famílias apenas. Cox & Hogarth (1993) afirmaram ser o método mais eficiente de seleção, aquele realizado baseado em famílias, com repetições, na

avaliação de cana planta, com a cana soca mantida para a seleção massal dentro das melhores famílias.

A seleção baseada em famílias, mais generalizadamente, pode ser realizada de forma sequencial ou combinada, como enfocado a seguir.

2.3.5.1 Seleção sequencial

A especificidade da seleção sequencial reside em ela envolver basicamente uma seleção entre as famílias, estando esta família representada na unidade de recombinação pelas suas melhores plantas. Em cana-de-açúcar, esta última etapa consiste em selecionar os melhores indivíduos dentro destas famílias previamente selecionadas.

O esquema tradicional para a seleção sequencial mantém para todas as famílias selecionadas a mesma taxa para a seleção dos indivíduos dentro. Na **Figura 2 (A)**, para uma taxa de seleção final de 0,15 tem-se, por exemplo, uma taxa entre de 0,40 e uma taxa dentro fixa de 0,375. Nesta condição, nenhuma planta é selecionada no interior das famílias não selecionadas e dentro das famílias selecionadas as de médias extremas (a de maior e a de menor média na seleção) têm o mesmo número de indivíduos selecionados.

A principal vantagem deste método reside na necessidade de um número relativamente baixo de computações complicadas pois, no limite, se não houver interesse em estimativas e para taxas de seleção pré-estabelecidas, o trabalho de cálculo reduz-se ao cômputo das médias aritméticas das parcelas de cada família para a seleção entre elas.

A aplicabilidade deste método em cana-de-açúcar é elevada. Por se tratar de uma espécie semi perene, a cana planta pode ser utilizada na avaliação das famílias e a cana soca pode ser mantida para a seleção massal dentro das melhores famílias.

O método da seleção sequencial vem sendo adotado há algum tempo no programa de melhoramento da Austrália (McRae, et al., 1998), mas com algumas modificações. Lá, na fase de cana planta, são obtidos os valores de tonelagem de cana por hectare (TCH), teor de açúcar e tonelagem de açúcar por hectare (TAH)

para cada família e as melhores são identificadas. Neste ponto as famílias mais pobres (baixo TAH) são descartadas por completo. Após a rebrota da primeira soca os “seedlings” são selecionados visualmente de forma massal dentro das melhores famílias. No programa regional de Burdekin, de uma população inicial de 20 mil “seedlings”, são selecionados cerca de três mil clones com base em uma taxa de seleção pré-determinada dentro de cada família selecionada. Mais indivíduos são selecionados dentro das melhores famílias. Dessa forma tem-se que, para as famílias classificadas de 1 a 20, 21 a 40, 41 a 60 e de 61 a 80 em uma população total de 250 famílias, são selecionados em cada uma delas 40, 32, 24 e 16 “seedlings”, de um total de 80, respectivamente.

Nota-se, então, que a seleção sequencial empregada na Austrália e descrita por McRae et al. (1998) é um modelo diferenciado do originalmente proposto. No modelo original uma porcentagem das famílias era selecionada e dentro destas um número fixo de plantas era escolhido. O modelo empregado na Austrália faz uma divisão das famílias em classes produtivas e para cada classe estabelece-se uma taxa de seleção, o que teoricamente deve levar a uma maior resposta esperada à seleção. A **Figura 2 (B)** ilustra este modelo para uma taxa de seleção total de 0,15.

Figura 2 - Comparativo dos esquemas de seleção sequencial conforme modelo original (A) e o empregado na Austrália (B). No eixo Y tem-se a taxa de seleção entre plantas e no eixo X o agrupamento das famílias com o valor médio do caráter classificado de forma decrescente. Entre parênteses tem-se a freqüência de famílias em cada grupo. A taxa de seleção final foi de 0,15.

2.3.5.2 Seleção combinada

Esse método foi originalmente descrito por Lush (1947) como uma combinação ótima resultante de se atribuir pesos diferenciados às médias e ao valor dos indivíduos dentro das famílias. O autor comparou a seleção combinada com a seleção massal e com a seleção de famílias quanto aos progressos genéticos esperados por ciclo, chegando a uma série de considerações, das quais destacam-se:

1. A seleção combinada é sempre superior às demais;
2. Esta superioridade é mais pronunciada nas seguintes situações: a) com valores de t (correlação fenotípica intra-classe) baixos e valores de r (correlação genotípica intra-classe) moderados; b) com t muito maiores que r ;
3. Com $t > r$, as médias de famílias exercem papel “negativo” na seleção combinada, sendo mais úteis como indicadores de efeitos ambientais do que preditores apropriados do valor genético dos genitores.

O autor também lembra que a seleção combinada, use ou não um índice racional saído de um teste de famílias, apresenta sempre um forte apelo intuitivo para os melhoristas em situações nas quais os indivíduos têm elevado valor econômico e a precisão da seleção é aspecto limitante. Este é o caso do melhoramento da cana-de-açúcar, na qual ocorrem situações em que clones que chamam a atenção do melhorista devem ser desprezados por imposição do método.

Falando-se de seleção combinada, faz-se necessário que se comente sobre os índices de seleção, uma vez que esta seleção agrega, simultaneamente, tanto a informação entre famílias quanto a informação dentro de famílias.

2.3.5.2.1 Índices de seleção

A idéia inicial da aplicação de índices de seleção nos programas de melhoramento genético foi apresentada por Smith (1936), com base no trabalho de Fisher (1936). Este índice, conhecido como índice otimizado, sofreu posteriormente diversas modificações, sendo, no entanto, a maioria delas baseada na obtenção de combinações lineares de valores fenotípicos observados.

Os primeiros índices utilizados, tinham por objetivo agregar informações de mais de um caráter em um só valor. Nesta filosofia Hazel (1943) descreveu as características de um índice e comparou a sua eficiência à seleção simultânea truncada para cada caráter e à seleção de um caráter por vez, concluindo ser o uso do índice o método mais eficiente. O autor destacou que, para o desenvolvimento do índice eram, necessárias as estimativas de herdabilidade de cada caráter, as estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e as estimativas das covariâncias genéticas e fenotípicas para cada par de caracteres.

Os problemas com o emprego dos índices, considerados ótimos, decorriam da necessidade de obtenção de um volume alto de estimativas, envolvendo um grande número de cálculos, da baixa possibilidade de generalização dos resultados, além dos problemas com a estimação do valor econômico relativo dos caracteres. Estes problemas, porém, não impediram o uso de índices empíricos em programas de melhoramento de diversas espécies. Jackson, et al. (1995a), balanceando o valor econômico relativo entre a TCH e o POL, as herdabilidades

relativas destes dois componentes bem como suas correlações genéticas, desenvolveram um índice, considerado ótimo, para a seleção de famílias de cana-de-açúcar, na Austrália, estimado por $12.POL + TCH$. Segundo os autores, este índice apresentou alta correlação genética com a produção de açúcar (TPH) e o “net merit grade” (índice de seleção utilizado pelo programa de melhoramento da Austrália, com base na produção estimada de açúcar relativa a cultivares padrão).

O emprego de índices para o melhoramento de um só caráter surgiu com Lush (1947), que comparou as seleções de famílias, a massal e a combinada entre e dentro de progênies com diferentes graus de parentesco, especialmente nos aspectos aplicáveis ao melhoramento animal. Burton (1982) apresentou um índice para a seleção combinada envolvendo, além dos efeitos genéticos, efeitos experimentais ostensivamente não genéticos (médias de repetições e parcelas experimentais).

Lush (1947), Lerner (1958) e Falconer & Mackay (1996), entre outros, descrevem as vantagens da seleção combinada ponderando medidas dos indivíduos e das médias de famílias, apresentando expressões para o progresso a partir de um só índice que é, em essência, o “índice ótimo” para um único caráter.

Evitar as complicações decorrentes da combinação de diversos caracteres no índice é desejado, principalmente quando o objetivo é o estudo da eficiência relativa de diferentes métodos de seleção. O mesmo é válido para a não inclusão de efeitos ostensivamente não genéticos. Em espécies florestais, o número de computações necessárias para a estimação dos índices clássicos é bem menor que para o uso dos BLPs², além de serem pequenas as modificações operacionais introduzidas pela seleção combinada em relação à seleção sequencial (Bueno Filho, 1992).

Para a obtenção dos coeficientes dos índices emprega-se técnicas de regressões e correlações múltiplas, como “path analysis” (Lush 1947, Lerner 1958), ou modelos lineares e suas generalizações matriciais (Backer 1986, White & Hodge

² BLPs - “Best Linear Predictors”: procedimento estatístico utilizado para estimar efeitos fixos e, simultaneamente, predizer o valor do cruzamento.

1989), que é o procedimento mais difundido. Os coeficientes dos índices são os que maximizam a correlação entre o valor genético (aditivo) e o índice (seu preditor) ou, de outra forma, os que minimizem a variância do erro dos valores genéticos (aditivos) estimados (White & Hodge, 1989).

A seguir são mencionados dois índices que podem ser empregados na seleção combinada em cana-de-açúcar.

2.3.5.2.1.1 BUENO FILHO, 1992.

Um índice envolvendo um único caráter foi estudado por Bueno Filho (1992) para o emprego da seleção combinada no melhoramento florestal. Este índice para a planta k , pertencente à repetição j da família i , assume a seguinte forma:

$$I_1 = c_1(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + c_2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}), \text{ na qual}$$

c_1 corresponde à herdabilidade dentro de cada família $\left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right)$; c_2 corresponde à

herdabilidade baseada nas médias de famílias $\left(\frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right)$; $\bar{Y}_{...}$, $\bar{Y}_{i..}$, $\bar{Y}_{ij.}$ e Y_{ijk}

correspondem, respectivamente, à média geral, de famílias, de parcelas e de indivíduos dentro de parcelas; e J, K são, respectivamente, o número de repetições e de indivíduos em cada parcela.

O autor calculou a eficiência esperada da seleção combinada em relação à sequencial, através dos respectivos progressos genéticos esperados nas mesmas taxas de seleção. Os resultados mostraram que a seleção combinada foi superior à sequencial, tanto para respostas imediatas como para as de médio e longo prazos, para os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP), altura e volume de árvores de *Eucalyptus grandis*. No entanto, o modelo apresentou dificuldade em relação à manutenção de adequado tamanho efetivo populacional no processo seletivo.

2.3.5.2.1.2 RESENDE, 1999.

Como uma complementação ao índice proposto por Bueno Filho (1992), Resende (1999), considerando a ordenação dos indivíduos conforme seus valores genotípicos preditos e visando à seleção e à propagação vegetativa, sugeriu o seguinte índice:

$$I_2 = c_3 (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + c_4 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + c_5 (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}), \text{ no qual}$$

c_3 corresponde à herdabilidade dentro de cada família $\left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right)$; c_4 corresponde à

herdabilidade corrigida para famílias de tamanho finito $\left(\frac{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{gw}^2}{JK}}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right)$; c_5

corresponde à herdabilidade baseada nas médias de parcela $\left(\frac{\frac{\sigma_{gw}^2}{K}}{\sigma^2 + \frac{\sigma_w^2}{K}} \right)$ e; $\bar{Y}_{...}$,

$\bar{Y}_{i..}$, $\bar{Y}_{.j.}$, $\bar{Y}_{ij.}$ e Y_{ijk} correspondem, respectivamente, à média geral, de famílias, de repetições, de parcelas e de indivíduos dentro de parcelas. Nas expressões dos coeficientes c_4 e c_5 os termos J e K referem-se ao número de repetições e ao número de plantas em cada parcela, respectivamente. O numerador de c_5 compreende a quantidade de variação genética presente na média de uma parcela.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 População original

As populações utilizadas nesta pesquisa foram amostradas dentre os cruzamentos realizados nos anos de 1993 e 1994, na Estação Experimental da Copersucar, em Camamú - BA. Do ano de 1993 foram amostrados 32 cruzamentos, sendo 17 biparentais (irmãos germanos) e 15 policruzamentos (meio irmãos). Do ano de 1994 foram amostrados outros 40 cruzamentos, sendo 20 biparentais e 20 policruzamentos. Um cruzamento utilizado como padrão, obtido no ano de 1992, foi utilizado no experimento (a), juntamente com os demais cruzamentos do ano de 1993 (**Tabelas 3 e 4**).

3.2 Avaliação experimental

As investigações foram realizadas em dois experimentos entre os anos de 1993 e 1998, a saber:

3.2.1 Experimento (a)

O primeiro experimento (a) foi plantado em nov./93 nos ambientes de Piracicaba e Jaú, distantes cerca de 150 km, ambos no Estado de São Paulo. As coordenadas de localização e histórico meteorológico encontram-se no **Anexo A**). O ensaio foi composto por 2.376 “seedlings”, obtidos a partir das sementes³ de 33

³ Em cana-de-açúcar, como nas demais gramíneas, é usual chamar de semente o fruto (cariopse). Assim sendo, todas as vezes que a palavra semente for mencionada, esta deve ser associada sempre ao cariopse e nunca à semente verdadeira.

cruzamentos, amostrados da campanha de 1993⁴, entre biparentais e policruzamentos. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com três repetições e 24 “seedlings” por parcela.

A finalidade deste experimento foi obter estimativas genéticas e fenotípicas de famílias e de plantas individuais necessárias na determinação da interação famílias x ambientes e nos cálculos de resposta esperada à seleção.

Tabela 3. População original do experimento (a).

Ano	Cruz.	PC	Fêmea	Macho	Ano	Cruz.	PC	Fêmea	Macho
1992	25		SP811763	CP67412	1993	271		SP733414	SP781055
1993	5313	20	SP801468	?	1993	275		SP792233	SP823530
1993	3703	21	SP792312	?	1993	279		SP801248	SP821723
1993	1805	22	CP751553	?	1993	284		SP801740	SP821723
1993	4596	22	TUC715	?	1993	291		SP792312	SP805442
1993	5504	22	SP837120	?	1993	302		CP67412	SP822077
1993	3938	23	SP815193	?	1993	308		SP832618	SP821723
1993	4593	23	TUC69104	?	1993	309		SP821723	SP832618
1993	5498	23	SP831633	?	1993	348		SP823329	SP822077
1993	4391	24	RB785750	?	1993	411		SP823530	SP775181
1993	4508	24	RB855176	?	1993	435		RB815627	SP823664
1993	5084	24	SP803280	?	1993	447		RB785750	SP804471
1993	1824	25	CP79332	?	1993	451		SP705135	Q80
1993	3938	25	SP815193	?	1993	455		SP792312	SP785495
1993	5214	25	RB855357	?	1993	466		SP813250	SP821723
1993	3750	26	SP795683	?	1993	932		NA5679	CO775
1993	224		SP775181	RTT8621					

Legenda: Ano – ano de realização do cruzamento; Cruz. – número do cruzamento (sequencial para irmãos germanos e igual ao número do genitor materno para meio irmão; PC – número do policruzamento (apenas quando o cruzamento for de meio irmãos); Fêmea – genitor materno; e Macho – genitor paterno (desconhecido - ? - quando cruzamento de meio irmão).

⁴ Um deles, utilizado como cruzamento padrão, pertence ao ano de 1992.

Tabela 4. População original do experimento (b).

Ano	Cruz.	PC	Fêmea	Macho	Ano	Cruz.	PC	Fêmea	Macho
1994	11		RB725053	SP80144	1994	1749	7	CP681022	?
1994	15		SP815195	SP793025	1994	1427	11	CB6351	?
1994	28		SP724153	SP8421	1994	2173	14	F150	?
1994	82		SP763112	SP80144	1994	5129	14	SP826108	?
1994	86		SP784792	SP821207	1994	1427	18	CB6351	?
1994	117		SP81309	SP795099	1994	5105	18	SP821207	?
1994	135		SP831164	SP803390	1994	5129	21	SP826108	?
1994	138		CP70324	SP842277	1994	5071	24	SP784792	?
1994	149		SP705030	SP811727	1994	1530	3	CB6867	?
1994	161		SP813251	SP831322	1994	3317	4	SP724521	?
1994	187		R78170	SP811727	1994	4764	4	POJ2876	?
1994	188		RB785750	RB806043	1994	5445	4	SP84139	?
1994	195		SP826108	SP803390	1994	3117	6	SP703337	?
1994	201		SP842268	SP803390	1994	4085	6	TUC7216	?
1994	202		SP815450	SP831633	1994	1296	8	CB56121	?
1994	218		SP813346	SP831633	1994	4386	15	IAC823654	?
1994	234		SP811727	CP63588	1994	3130	17	SP703996	?
1994	237		SP811727	SP713079	1994	5468	20	SP853835	?
1994	279		R78170	SP824055	1994	5079	22	SP80180	?
1994	282		SP824055	F154	1994	5473	29	SP854172	?

Legenda: Ano – ano de realização do cruzamento; Cruz. – número do cruzamento (sequencial para irmãos germanos e igual ao número do genitor materno para meio irmão; PC – número do policruzamento (apenas quando o cruzamento for de meio irmãos); Fêmea – genitor materno; e Macho – genitor paterno (desconhecido - ? - quando cruzamento de meio irmão).

Anexo ao experimento (a), na localidade de Piracicaba, foram plantadas mais 16 parcelas com 12 plantas cada, em duas repetições, no delineamento experimental de blocos ao acaso. Neste plantio foram utilizados oito clones. As datas e os procedimentos do plantio e dos levantamentos foram os mesmos observados para o experimento (a). Este plantio teve como finalidade fornecer a estimativa da variância ambiental entre plantas dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_{ew}^2$).

3.2.1.1 Coleta de dados

Os seguintes componentes da produção foram avaliados em cada observação (“seedling” no experimento (a) e touceira no ensaio com clones) em jun-jul/94:

- Comprimento médio dos colmos: mensurado com o auxílio de uma régua graduada com intervalos de 10 em 10 cm, medido do nível do solo até a altura do último entrenó visível, logo após a retirada da última bainha seca do ápice da planta. Foram realizadas três leituras por observação (“seedling”) e o valor médio foi considerado;
- Diâmetro médio dos colmos: mensurado com o auxílio de uma régua especial construída em alumínio com escala de 1 a 9. Cada valor da escala corresponde a um diâmetro em mm, sendo o valor 1 correspondente ao maior diâmetro e o valor 9, ao menor. A **Tabela 5** apresenta os valores em milímetros (mm) correspondentes a cada valor na escala. As leituras foram realizadas no centro do entrenó localizado no comprimento médio do colmo. Em cada observação (“seedling”) três leituras foram realizadas e um valor médio foi considerado;
- Número de colmos: obtido por contagem dos colmos adultos em cada observação (“seedling”);
- Brix % caldo da cana (Brix): determinado com o auxílio de um refratômetro de campo ⁵. Representado por uma leitura simples de amostra homogênea do caldo de três colmos da parcela após

⁵ Refratômetro de campo: aparelho manual de leitura óptica utilizado para mensurar diretamente a quantidade de sólidos solúveis em um caldo açucarado. Esta leitura é obtida através dos desvios de refração da luz na passagem entre o ar atmosférico e a densidade do caldo da solução, sob condições ideais de temperatura e umidade relativa da atmosfera.

passagem por uma moenda.

- **Peso dos colmos:** compreendeu a pesagem, em kg, de todos os colmos da observação (touceira), com posterior transformação para TCH ($TCH = peso \times 14,2857$).

Tabela 5. Escala em mm do paquímetro especial utilizado para a avaliação do diâmetro médio dos colmos.

Nota Diâmetro	Diâmetro (mm)	Intervalo escala (mm)
1	36,0	2,0
2	34,0	2,5
3	31,5	3,0
4	28,5	3,0
5	25,5	3,0
6	22,5	3,5
7	19,0	5,0
8	14,0	7,5
9	6,5	

A cronologia das atividades de plantio, condução e coleta de dados encontra-se na **Figura 3**.

3.2.2 Experimento (b)

Para confirmar, na prática, o ganho esperado com a seleção sequencial modificada estimada no primeiro experimento, foi plantado, em nov./94, apenas em um ambiente (Estação Experimental Copersucar em Piracicaba, SP), o primeiro ensaio (Ensaio 1) do segundo experimento (b) (**Figura 4**). Após a avaliação e a seleção, os clones foram multiplicados na etapa II em out./95 (Ensaio 2) e ampliados na etapa III em out./96 (Ensaio 3).

Figura 3 - Fluxograma do experimento (a)

3.2.2.1 Ensaio 1

Esta etapa foi composta por 9.760 seedlings, obtidos a partir das sementes de 40 cruzamentos biparentais e policruzamentos, amostrados da campanha de 1994 e plantados simultaneamente em um ensaio e uma multiplicação. O ensaio teve 40 famílias e seguiu o delineamento de blocos ao acaso com três repetições e 48 "seedlings" por parcela.

A multiplicação, representada por 100 “seedlings” por família, plantados em parcelas de dois sulcos com 50 “seedlings”, espaçados 0,50 m na linha e 1,40 m na entrelinha, foi utilizada para a seleção individual de forma visual dentro de cada família, com taxas que variaram de 0,05 a 0,40, com intervalos de 0,05 até 0,20 e de 0,10 entre 0,20 e 0,40. O critério utilizado para a avaliação visual baseou-se principalmente no vigor, sendo descartadas as plantas com problemas morfológicos e com sintomas de doença.

3.2.2.1.1 Coleta de dados do ensaio

Os seguintes componentes da produção foram avaliados em cada observação (“seedling”) em jun-jul/95:

- Brix % caldo da cana: determinado com o auxílio de um refratômetro de campo. Representado por uma leitura simples no caldo de oito colmos retirados ao acaso entre os 48 indivíduos da parcela, sendo, no máximo, um colmo por “seedling”, após passagem pela moenda.
- Peso dos colmos: compreendeu a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela, com posterior conversão para TCH ($TCH = peso \times 0,2381$).

De posse do peso, em TCH, foi obtida a TBH ($TBH = TCH \cdot Brix / 100$) e realizada a classificação das famílias em taxa de seleção, que variaram de 0,05 a 1,00, com intervalos de 0,05.

3.2.2.2 Ensaio 2 (mult. 1x3)

Os 1600 “seedlings”, selecionados do Ensaio 1, foram ampliados em set./95 para o segundo ensaio (Etapa II), também na Estação Experimental Copersucar em Piracicaba, SP. As parcelas foram constituídas de um sulco com três metros de comprimento, espaçadas 1,40 m, conforme delineamento de blocos de Federer (Federer, 1956), com cerca de 200 genótipos por bloco e três cultivares padrão, utilizadas como tratamentos comuns.

3.2.2.2.1 Coleta de dados (12 meses após o plantio)

Foram avaliados os seguintes componentes da produção em cada parcela, em ago-set/96:

- Brix % caldo da cana (Brix): mensurado com refratômetro de campo, representado por três leituras de amostras homogênea do caldo de dois colmos. A amostragem foi realizada no quinto entrenó, a contar do último entrenó visível do ápice para a base da planta, após a retirada da bainha seca na posição mais alta no colmo.
- Peso dos colmos: peso, em kg, de todos os colmos adultos da parcela, com posterior conversão para TCH ($TCH = peso \times 2,3809$).
- Seleção: foram selecionados visualmente os 16 melhores clones em cada cruzamento, identificados por ordem de seleção de 1 a 16, sendo o número um o primeiro clone selecionado no cruzamento. Os critérios para a avaliação visual foram os mesmos utilizados na etapa II do programa de melhoramento da cana-de-açúcar⁶.
- Perfilhos: contagem do número de colmos em cada parcela, com o objetivo de determinar a disponibilidade de mudas para plantio da multiplicação na etapa III.

Em out./96 todos os clones com disponibilidade de material, livres de sintomas de doenças, foram ampliados no terceiro e último ensaio (Ensaio 3).

⁶ A avaliação visual utilizada na etapa II busca estimar a produtividade do indivíduo em toneladas de cana por hectare (TCH). São características restritivas nesta avaliação o número baixo de perfilhos, diâmetro fino dos colmos, colmos baixos, rachadura dos colmos, gemas salientes, entre outros.

3.2.2.2.3 Ensaio 3 (mult. 5x4)

Os 1401 clones, com disponibilidade de mudas⁷ do ensaio 2, foram ampliados para a terceira e última avaliação (Etapa III), em out./96. Este ensaio foi plantado na Usina Iracema, no município de Iracemápolis, SP, distante da Estação Experimental da Copersucar em Piracicaba cerca de 20 km. As parcelas foram de cinco sulcos com quatro metros de comprimento, espaçadas 1,40 m, conforme delineamento de blocos de Federer (Federer, 1956), com 30 parcelas por bloco, sendo 27 genótipos e três cultivares padrão utilizadas como tratamentos comuns (as mesmas utilizadas no Ensaio 2).

3.2.2.2.3.1 Coleta de dados

Os seguintes componentes da produção foram avaliados em cada parcela aos 12 e aos 24 meses após o plantio, referentes aos cortes 1 e 2, respectivamente:

- Brix % caldo da cana (Brix): mensurado com refratômetro de campo. Representado por uma leitura de amostra homogênea do caldo de seis colmos retirados ao acaso do interior de cada parcela. Os colmos amostrados foram passados por uma moenda e o caldo obtido utilizado na leitura.
- Peso dos colmos: peso, em kg, de todos os colmos adultos da parcela, com posterior conversão para TCH ($TCH = peso \times 0,3571$).

Dos valores de Brix e TCH dos cortes 1 e 2, calculou-se o Brix médio dos dois cortes, a TCH estimado para cinco cortes (Copersucar, 1993), ($TCH_{5C} = (TCH_{1C} + 3,5 \times TCH_{2C})/5$), a TBH (Toneladas de Brix por Hectare: $TBH = TCH \times Brix/100$) para cada corte e o TBH_{5C} (Toneladas de Brix por Hectare estimado para cinco cortes), a serem utilizados nas análises.

Figura 4 - Fluxograma do experimento (b).

⁷ A redução de 1600 clones (40 progênes vezes 40 indivíduos por progênie) no ensaio 2

3.3 Análises estatísticas e determinação dos parâmetros genéticos

3.3.1 Experimento (a)

A análise da variância para o experimento (a), conforme delineamento de blocos ao acaso com k observações por parcela em média, encontra-se na **Tabela 6** para um único ambiente e na **Tabela 7** para dois ambientes.

Tabela 6. Análise de variância do experimento (a), para um ambiente.

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	E (Q.M.)*	Teste F
Blocos	2	QB		QB/QE
Famílias	32	QF	$\sigma_w^2 + \bar{k}\sigma^2 + 3\bar{k}\sigma_f^2$	QF/QE
Erro	64	QE	$\sigma_w^2 + \bar{k}\sigma^2$	QE/QD
Dentro	2213 ^P 2217 ^J	QD	σ_w^2	
Total	2311 ^P 2315 ^J			

* Considerando aleatório o efeito de famílias; $\bar{k} = 23,3$ "seedlings"/parcela para a localidade de Piracicaba em termos médios e $\bar{k} = 23,4$ "seedlings"/parcela para a localidade de Jaú em termos médios; $J = 3$ repetições; $I = 33$ famílias; ^P – Piracicaba; ^J – Jaú.

Da análise para um ambiente (**Tabela 6**), as estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas foram extraídas de operações diretas com os quadrados médios, baseadas em suas esperanças para o delineamento de blocos casualizados com k observações por parcela, conforme Vencovsky & Barriga (1992).

Assim sendo, tem-se que:

- $\hat{\sigma}_w^2 = QD$

para 1401 no ensaio 3, deu-se, basicamente, devido à falta de mudas na etapa 2.

na qual: $\sigma_w^2 = \sigma_{gw}^2 + \sigma_{ew}^2$, corresponde à variância fenotípica dentro de parcelas, que pode ser desmembrada em genética e ambiental, ambas entre plantas dentro de parcelas.

Para o desmembramento da componente σ_w^2 em σ_{gw}^2 e σ_{ew}^2 utilizaram-se as informações do quadrado médio dentro de parcela do ensaio de clones (**Tabela 6a**), afim de fornecer as estimativas da variância ambiental dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_{ew}^2$);

Tabela 6a. Análise de variância do ensaio com clones anexo ao experimento (a), para a localidade de Piracicaba.

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	E (Q.M.)*	Teste F
Blocos	1	QBC		QBC/BEC
Clones	7	QC		QF/QE
Erro	7	QEC		QE/QD
Dentro	171	QDC	σ_{ew}^2	
Total	186			

$I = 8$ clones; $J = 2$ blocos; $\bar{K} = 11,7$ plantas/parcela em termos médios.

Tem-se então que:

$$\hat{\sigma}_{ew}^2 = QDC \quad \text{e}$$

$$\hat{\sigma}_{gw}^2 = QD - QDC$$

$$\bullet \quad \hat{\sigma}^2 = \frac{(QE - QD)}{\bar{k}}$$

sendo que $\hat{\sigma}^2$ mede a variância ambiental entre parcelas;

$$\bullet \quad \hat{\sigma}_f^2 = \frac{(QF - QE)}{3\bar{k}}$$

na qual $\hat{\sigma}_f^2$ corresponde à variância genotípica entre famílias;

- $\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_{gw}^2$

em que $\hat{\sigma}_G^2$ corresponde à variância genotípica total;

- $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \frac{Qf}{3k}$

em que $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$ corresponde à variância fenotípica baseada em médias de parcela;

- $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_d^2$

a estimativa de $\hat{\sigma}_F^2$ corresponde à variância fenotípica baseada em plantas individuais.

Da análise conjunta para os dois ambientes (**Tabela 7**), tem-se:

- $\hat{\sigma}_{fa}^2 = \frac{(QFA - QE)}{6}$

sendo que $\hat{\sigma}_{fa}^2$ é a variância da interação entre famílias e ambientes

- $\hat{V}_a = \frac{(QA + QE) - (QB + QFA)}{99}$

na qual $\hat{V}_a$ corresponde à variação entre os dois locais.

Os coeficientes de herdabilidade para a seleção entre médias de famílias, seleção entre plantas individuais e para a seleção dentro de cada parcela são, respectivamente:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2}$$

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

$$\hat{h}_d^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gw}^2}{\hat{\sigma}_w^2}$$

Tabela 7. Análise de variância do experimento (a), para dois ambientes, baseada nas médias por parcela.

F.V.	G.L.	Q.M.	E (Q.M.)*	Teste F
Blocos/Ambiente	4	QB	$\frac{\sigma_w^2}{\bar{k}} + \sigma^2 + 33 \sigma_{b/a}^2$	QB/QE
Famílias	32	QF	$\frac{\sigma_w^2}{\bar{k}} + \sigma^2 + 6 \sigma_f^2$	QF/QE
Ambientes	1	QA	$\frac{\sigma_w^2}{\bar{k}} + \sigma^2 + 33 \sigma_{b/a}^2 + 3 \frac{2}{(2-1)} \sigma_{fa}^2 + 99 V_a$	$\frac{(QA + QE)}{(QB + QFA)}^{**}$
Famílias x Ambientes	32	QFA	$\frac{\sigma_w^2}{\bar{k}} + \sigma^2 + 3 \frac{2}{(2-1)} \sigma_{fa}^2$	$\frac{QFA}{QE}$
Erro médio	128	QE	$\frac{\sigma_w^2}{\bar{k}} + \sigma^2$	QE/QD
Total	197			
Dentro		QD	σ_w^2	

* Para a análise conjunta considerou-se o modelo com efeitos aleatórios de famílias e fixos de locais. Isto porque, pelo fato de termos apenas dois locais e por estes serem relativamente próximos (150 km), fica difícil supor que Piracicaba e Jaú possam representar uma região

agrícola mais abrangente; ** G.L. numerador = $n_1 = \frac{(QA + QE)^2}{\frac{QA^2}{2} + \frac{QE^2}{128}}$ e G.L. denominador =

$$n_2 = \frac{(QFA + QB)^2}{\frac{QFA^2}{32} + \frac{QB^2}{4}}; \quad J = 3 \text{ repetições/ambiente}; \quad I = 33 \text{ famílias}; \quad L = 2 \text{ ambientes};$$

$\bar{k} = 23,35$ "seedlings"/parcela;

3.3.1.1 Decomposição da interação famílias x ambientes.

Uma forma de visualizar o grau da interação FA é decompondo a mesma. Para tanto, opera-se junto ao quadrado médio da interação (QFA, **Tabela 6**), calculando-se duas componentes: uma que é devida às diferenças na variação entre

as famílias, dentro de cada local e a outra, que é devida à falta de correlação entre as médias dos tratamentos, de um local para outro. A expressão, necessária para esta decomposição é dada por Vencovsky & Barriga (1992), como segue:

$$QFA = (1/2)(\sqrt{QF_1} - \sqrt{QF_2})^2 + (1 - r_{12})\sqrt{QF_1 \cdot QF_2}$$

Em que:

QFA : é o quadrado médio da interação,

QF_1 e QF_2 : quadrados médios referentes às famílias nos locais 1 e 2, respectivamente,

r_{12} : correlação entre as médias dos tratamentos, de um local para outro.

Para facilitar o entendimento, esta decomposição pode ser dividida em duas componentes, a saber:

$$QFA = A + B$$

em que, a componente representada por A , dada por $((\sqrt{QF_1} - \sqrt{QF_2})^2)$, é designada simples, por ser devida apenas às diferenças na variabilidade entre famílias, dentro de locais. A outra parte, a componente B , dada por $((1 - r_{12})\sqrt{QF_1 \cdot QF_2})$, é denominada de complexa por ser fruto da correlação manifestada entre as famílias. B , portanto, é a parte da interação que tende a impedir a seleção simultânea para ambos os ambientes.

As estimativas de r_{12} , A e B , a partir dos valores dos quadrados médios da interação FA e de famílias nos dois ambientes, são de origem fenotípica e a interpretação de suas grandezas deve ser feita com cautela. Para solidificar esta interpretação, estes parâmetros foram estimados novamente, desta vez com valores genotípicos, através da expressão a seguir.

$$\hat{\sigma}_{fa}^2 = (1/4).(\sigma_{f1} - \sigma_{f2})^2 + (1/2).(1 - r_{G12}).\sigma_{f1}.\sigma_{f2}$$

$$\hat{\sigma}_{fa}^2 = \quad A \quad + \quad B$$

com σ_{f1} e σ_{f2} estimados a partir do erro médio dos dois ambientes e a correlação genética (r_{G12}) a partir da Cov_{G12} e de σ_{f1} e σ_{f2} .

3.3.1.2 Estimativa da resposta esperada à seleção

De posse destas estimativas genéticas e fenotípicas, foram estimados os ganhos com a seleção massal, por famílias, sequencial (utilizando a informação entre famílias primeiramente e, dentro de famílias posteriormente) e combinada (através de um índice de seleção), a saber:

3.3.1.2.1 Progresso esperado com a seleção massal (RS_m):

$$RS_m = i\sigma_F h_i^2$$

em que i corresponde ao diferencial de seleção estandardizado; σ_F é o desvio padrão fenotípico; e h_i^2 é a estimativa da herdabilidade baseada em plantas individuais.

Toda vez que a seleção for realizada, baseando-se em um determinado caráter, tendo como objetivo principal a seleção de um outro caráter, tem-se o processo da seleção indireta. A seleção realizada entre plantas (“seedlings”) na etapa inicial no programa de melhoramento de cana-de-açúcar constitui um processo de seleção indireta, uma vez que, visualmente, o selecionador tenta estimar o potencial de produção da planta. Este processo de avaliação visual ocorre em todos os programas de melhoramento de cana. Os critérios para esta avaliação visual são semelhantes, nos quais os selecionadores procuram inicialmente alta produção (TCH) e em seguida colocam restrições para diversos caracteres, como teor de açúcar (Brix), altura e diâmetro dos colmos, perfilhamento, doença, florescimento, isoporização, rachadura, ocamento, tipo e tamanho da gema, hábito de touceira, tipo de folha, entre outros. Nesta condição, a resposta à seleção passa a ser uma resposta correlacionada (RC_m) e é quantificada por:

$$RC_m = ih_X h_Y r_G \sigma_{FY}$$

em que X representa o critério utilizado na avaliação visual e Y é o caráter principal; h_X é a raiz quadrada da herdabilidade de X baseada em plantas individuais; h_Y é a raiz quadrada da herdabilidade de Y também com base em plantas individuais; r_G é a correlação genética entre X e Y ; e σ_{FY} mede o desvio padrão fenotípico do caráter Y .

Para as estimativas da resposta correlacionada admitiu-se que a raiz da herdabilidade do critério visual foi equivalente à raiz da herdabilidade do caráter principal, ou seja, $h_X \approx h_Y$. Quanto as estimativas da correlação genética entre X e Y foram utilizados valores da literatura.

Também, o tipo de população e a forma de avaliação deste trabalho não permite que a seleção massal seja explorada na sua totalidade. Trata-se de uma seleção massal feita numa estrutura de famílias (progênies), de forma que o tamanho efetivo será menor e o rendimento da família interferirá na seleção massal quando esta for realizada de forma indireta (avaliação visual).

3.3.1.2.2 Progresso esperado com a seleção por famílias (RS_f):

$$RS_f = ds h_m^2$$

em que ds é o diferencial de seleção da(s) família(s) selecionada(s) em relação à média geral; h_m^2 corresponde à estimativa da herdabilidade com base nas médias de parcela.

As respostas esperadas com a seleção por famílias foram obtidas conforme três situações, a saber: **(a)** seleção dentro de cada local separadamente (seleção específica); **(b)** seleção num dado local e verificação do progresso esperado no outro (seleção indireta no local 1 e resposta esperada no local 2; seleção indireta no local 2 e resposta esperada no local 1); **(c)** seleção baseada na média dos tratamentos reunidos nos dois locais (seleção geral ou marginal, com verificação dos progressos esperados em cada local separadamente e no conjunto dos dois). A taxa de seleção utilizada para o cálculo do diferencial de seleção foi de 0,15.

3.3.1.2.3 Progresso esperado com a seleção sequencial tradicional (RS_{st}):

$$RS_{st} = RS_f + RS_d$$

em que:

$RS_f = ds h_m^2$ mede a resposta à seleção entre famílias como anteriormente descrito e;

$RS_d = i_w \sigma_w h_w^2$ mede a resposta à seleção dentro das famílias selecionadas, em que σ_w é o desvio padrão fenotípico entre plantas dentro das famílias e; h_w^2 é uma estimativa da herdabilidade na base de plantas individuais no interior das famílias.

Lembrando que, quando a seleção entre plantas dentro das famílias for realizada de forma indireta, tem-se novamente a resposta correlacionada que nessa situação é quantificada por:

$$RC_{d(Y)} = i h_{w(X)} h_{w(Y)} r_{Gw} \sigma_{w(Y)}$$

em que X representa o critério utilizado na avaliação visual e Y é o caráter principal; $h_{w(X)}$ corresponde à raiz quadrada da herdabilidade dentro de famílias para X ; $h_{w(Y)}$ corresponde à raiz quadrada da herdabilidade dentro de famílias para Y ; r_{Gw} é a correlação genética dentro de famílias entre X e Y ; e σ_{wY} mede o desvio padrão fenotípico dentro de famílias para o caráter Y . Consequentemente, a resposta total com a seleção sequencial tradicional fica sendo:

$$RS_s = RS_f + RC_d$$

3.3.1.2.4 Progresso esperado com a seleção sequencial empregada na Austrália (RS_{sa}):

No método australiano, a seleção entre famílias é agrupada em classes de frequência, de acordo com seu valor médio. Em seguida, realiza-se a seleção

dentro de famílias, que têm uma taxa específica para cada classe, sendo maior na classe de maior média e menor na classe oposta. A **Figura 5 (B)** apresenta um modelo de seleção descrito por McRae et al. (1998). O progresso esperado, então, passa a ser um somatório de progressos estimados para cada combinação de taxas para a seleção entre e dentro, ponderado pela frequência de plantas selecionadas em cada etapa em relação ao total selecionado. Então:

$$RS_{sa} = \sum_{c=1}^n (RS_{ss} \cdot p)_c$$

com c variando de 1 a n , sendo n o número de classes para a combinação das taxas de seleção entre e dentro (na **Figura 5 (B)** são apresentadas cinco classes) e p correspondendo à frequência relativa das plantas selecionadas em cada

classe em relação ao total selecionado, de forma que $\sum_{c=1}^n p_c = 1,00$. Em função do

número restrito de famílias (33), a combinação das taxas de seleção entre famílias e entre plantas dentro de famílias foi aproximada e deu-se da seguinte forma: 1 (9% entre; 50% dentro), 2 (9% entre; 40% dentro), 3 (9% entre; 30% dentro), 4 (9% entre; 20% dentro) e 5 (64% entre; 3,7% dentro). Para cada classe, o progresso esperado com a seleção (RS_{ss}) foi calculado da mesma forma que o descrito no item anterior.

3.3.1.2.5 Progresso esperado com a seleção sequencial modificada (RS_{sm}):

A seleção sequencial modificada proposta neste trabalho usa a idéia do modelo australiano e ao mesmo tempo procura tirar a subjetividade existente na definição do total de classes e na combinação das taxas de seleção entre e dentro para cada classe. Nesta proposta, cada família passa a ser uma classe e a taxa de seleção entre indivíduos, dentro de cada família, é definida de forma que a média dos indivíduos selecionados, em cada família, seja a mesma para todas. Dessa forma o progresso esperado com a seleção é mantido constante, em valores absolutos, para todas as famílias.

Para o cálculo do progresso esperado com a seleção em cada família faz-se necessário obter a taxa de seleção entre plantas dentro de cada família (D). Esta é obtida utilizando-se a expressão a seguir:

$$D = \frac{RS_{sm} - aE - c}{b}$$

em que: a , b e c são constantes obtidas a partir de regressão linear múltipla, considerando-se como variável dependente a resposta esperada à seleção sequencial modificada em valores absolutos e como variáveis independentes a taxa de seleção entre famílias e a taxa de seleção entre plantas dentro de famílias; E corresponde à taxa de seleção entre famílias, com intervalo de variação correspondente à unidade da família; D corresponde à taxa de seleção dentro da referida família e; RS_{sm} é a resposta à seleção sequencial modificada e será função da taxa de seleção global da população e de suas respectivas estimativas genéticas e fenotípicas. O **Anexo F** apresenta detalhes de como a regressão linear múltipla foi obtida, bem como apresenta as estimativas dos coeficientes a , b e c .

Comparativamente aos outros dois esquemas de seleção sequencial, apresentados anteriormente (A e B), espera-se que este novo método de seleção sequencial modificado resulte em maior resposta, com valores próximos aos esperados com a seleção combinada, que teoricamente deve apresentar superioridade no progresso estimado (**Figura 5 (C)**). A vantagem é que o modelo proposto é mais simples de aplicar que o modelo da seleção combinada.

Figura 5 - Comparação entre os esquemas de seleção sequencial conforme modelo tradicional (A), o empregado na Austrália (B) e o proposto neste trabalho (C), todos com taxa de seleção de 0,15. No eixo Y tem-se a taxa de seleção entre plantas dentro de famílias e no eixo X o agrupamento das famílias com o valor médio do caráter classificado de forma decrescente. Entre parênteses tem-se a freqüência de famílias em cada grupo.

3.3.1.2.6 Progresso esperado com a seleção combinada, adaptado de Bueno Filho (1992) (RS_{il}).

$$RS_{il} = i \frac{\hat{\sigma}_f^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) c_2 + \hat{\sigma}_{gw}^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) \left[\frac{c_2}{JK} + c_1 \right]}{\sqrt{QD \left(\frac{K-1}{K} \right) c_1^2 + \frac{QF}{JK} \left(\frac{I-1}{I} \right) c_2^2}}$$

em que: i = diferencial de seleção estandardizado;

$\hat{\sigma}_f^2$ = estimativa da variância genética entre famílias;

$\hat{\sigma}_{gw}^2$ = estimativa da variância genética dentro de parcelas;

$\hat{\sigma}_w^2$ = estimativa da variância fenotípica dentro de parcelas = QD ;

$$c_1 = \text{herdabilidade dentro de cada família} = \left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right);$$

c_2 = herdabilidade relativa às médias de famílias =

$$\left(\frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right)$$

QF = quadrado médio de famílias e;

I, J, K = respectivamente, nº de famílias, de repetições e de indivíduos em cada parcela.

Para maiores detalhes, a dedução do índice está apresentada no **Anexo B**.

3.3.1.2.7 Progresso esperado com a seleção combinada, adaptado de Resende (1999) (RS_{i2}).

$$RS_{i2} = i \frac{c_3 \sigma_{gw}^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) + c_4 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left[\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{gw}^2}{JK} \right] + c_5 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\frac{J-1}{J} \right) \left(\frac{1}{K} \right) \sigma_{gw}^2}{\sqrt{c_3^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) \sigma_w^2 + c_4^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK} \right) + c_5^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\frac{J-1}{J} \right) \left(\sigma^2 + \left(\frac{\sigma_w^2}{K} \right) \right)}}$$

em que: i = diferencial de seleção estandardizado;

$\hat{\sigma}_f^2$ = estimativa da variância genética entre famílias;

$\hat{\sigma}^2$ = estimativa da variância do erro experimental;

$\hat{\sigma}_{gw}^2$ = estimativa da variância genética dentro de parcelas;

$\hat{\sigma}_w^2$ = estimativa da variância fenotípica dentro de parcelas = QD ;

$$c_3 = \text{herdabilidade dentro de cada família} = \left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right);$$

c_4 = herdabilidade corrigida para famílias de tamanho finito

$$\left(\frac{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{gw}^2}{JK}}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right);$$

$$c_5 = \text{herdabilidade relativa às médias de parcela} \left(\frac{\frac{\sigma_{gw}^2}{K}}{\sigma^2 + \frac{\sigma_w^2}{K}} \right)$$

I, J, K = respectivamente, nº de famílias, de repetições e de indivíduos em cada parcela.

Para maiores detalhes, a dedução do índice está apresentada no **Anexo C**.

3.3.2 Experimento (b)

3.3.2.1 Ensaio 1

A análise de variância para o ensaio 1, conforme delineamento de blocos ao acaso, encontra-se na **Tabela 8**.

Tabela 8. Análise de variância do ensaio 1, experimento (b).

Fontes de Variação	G.L.	Q.M.	E (Q.M.)*	Teste F
Blocos	2	QB		QB/BE
Famílias	39	QF	$\sigma^2 + 3\sigma_f^2$	QF/QE
Erro	78	QE	σ^2	
Total	119			

* Considerando aleatório o efeito de famílias; repetições: $J = 3$; famílias: $I = 40$.

As famílias foram classificadas para os caracteres Brix, TCH e TBH, pelo teste de Tukey com DMS de 0,05 (Pimentel Gomes, 1990). Para estabelecer a taxa

de seleção entre famílias em intervalos de 5%, as famílias foram agrupadas duas a duas no interior de cada classe, após classificação das médias em ordem decrescente. As duas melhores foram identificadas pela fração 0,05 ($2/40 = 0,05$). As duas seguintes, da mesma forma, foram identificadas pela fração 0,10 ($4/40$) e assim por diante.

A resposta esperada à seleção conforme método sequencial modificado foi calculada da mesma forma que o descrito para o experimento (a), adotando-se daquele experimento a proporção $\hat{\sigma}_f^2 : \hat{\sigma}_{gw}^2$ e, também, a estimativa da herdabilidade entre plantas dentro de parcelas ($\hat{h}_w^2$).

3.3.2.2 Ensaio 2

O esquema da análise de variância para o ensaio 2, conforme delineamento de blocos de Federer (Federer, 1956), para os caracteres Brix, TCH e TBH, encontra-se na **Tabela 9**. Ressalta-se que para estas análises apenas foram consideradas as parcelas com a quantidade mínima de 15 colmos.

As médias dos tratamentos foram corrigidas com base nos desvios dos cultivares padrão entre a média do bloco e a média geral. A comparação entre duas médias pelo teste de Tukey foi dada por:

$$\Delta = q \sqrt{\frac{1}{2} \hat{V}(\hat{Y})} \quad \text{com,}$$

$$\hat{V}(\hat{Y}) = 2\sigma^2 \quad \text{para clones em um mesmo bloco e;}$$

$$\hat{V}(\hat{Y}) = 2,67\sigma^2 \quad \text{para clones que ocupam blocos diferentes,}$$

$$\text{sendo: } \hat{\sigma}^2 = \text{QE.}$$

Tabela 9. Análise de variância do ensaio 2, experimento (b).

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	Teste F
Bloco	7	QB	QB/QE
Genótipos ajustados	1400	QGaj.	QGaj./BE
Padrões	2	QP	QP/QE
Clones + (Padrões vs Genótipos)	1398	QC	QC/QE
Erro	14	QE	
Total	1421		
Genótipos	1400	QG	QG/QE
Padrões	2		
Clones	1397	QC	QC/QE
Padrões vs. Clones	1	QPC	QPC/QE
Bloco ajustado	7	QBaj	QBaj./QE
Erro	14	QE	

Blocos: $J = 8$; padrões: $I = 3$; clones: $K = 1400$.

Tabela 10 – Análise de variância do ensaio 3, experimento (b).

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	Teste F
Bloco	41	QB	QB/QE
Genótipos ajustados	1136	QGaj.	QGaj./BE
Padrões	2	QP	QP/QE
Clones + (Padrões vs Genótipos)	1134	QC	QC/QE
Erro	82	QE	
Total	1259		
Genótipos	1136	QG	QG/QE
Padrões	2		
Clones	1133	QC	QC/QE
Padrões vs. Clones	1	QPC	QPC/QE
Bloco ajustado	41	QBaj.	QBaj./QE
Erro	82	QE	

Blocos: $J = 40$; padrões: $I = 3$; clones: $K = 1136$.

3.3.2.3 Ensaio 3

O esquema da análise de variância para o ensaio 3, conforme delineamento de blocos de Federer (Federer, 1956), para os caracteres Brix, TCH e TBH, nos estádios de planta, soca e estimado para 5 cortes (Copersucar, 1993), encontra-se na **Tabelas 10**.

As médias dos tratamentos foram corrigidas com base nos desvios dos cultivares padrão entre a média do bloco e a média geral. A comparação entre duas médias pelo teste de Tukey foi realizada como descrita para o ensaio 2.

A resposta observada com a seleção sequencial modificada foi obtida da regressão linear múltipla entre o valor médio dos clones pertencentes a combinação de taxas de seleção entre e dentro de famílias, realizada no ensaio 1 (etapa I). A equiparação entre as respostas esperada e observada foi realizada variando o valor da correlação genética entre a avaliação visual e o caráter principal.

4 RESULTADOS

4.1 Interação famílias x ambientes

As análises de variância do experimento (a), individuais e conjunta, para Piracicaba e Jaú encontram-se nas **Tabelas 11, 12 e 13**, respectivamente. Observa-se, nas três análises, que houve diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as famílias para todos os caracteres avaliados (altura e diâmetro médio dos colmos, número de perfilhos, Brix, TCH e TBH).

Tabela 11. Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

FV	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos	2	15369,7097 **	8,4104	6,3882 *	65,9282 **	5240,9853	175,8965
Famílias	32	11245,8900 **	64,2442 **	8,7148 **	64,6201 **	8972,6420 **	292,9484 **
Erro	64	1697,7939 **	5,2674 **	1,4145 *	11,0681	1948,9069	59,2269
Dentro	2213	723,4916	1,4954	1,0125	10,3162	1879,6797	59,6534
Total	2311						
Média		220,92	17,68	5,33	6,79	78,64	13,94
CV%		3,9	2,7	4,6	10,1	11,6	11,4

$$* p < 0,05; ** p < 0,01; \bar{k} = 23,3; CV\% = \frac{\sqrt{(QE/\bar{k})}}{Média} \cdot 100$$

As análise individuais mostraram que os coeficientes de variação (CV) foram baixos, com o maior valor para a TCH na localidade de Jaú (12,8%), ainda assim considerado baixo, o que reflete a boa qualidade na condução do ensaio.

Comparativamente, resultados da literatura para experimentos com *seedlings* mostram CV da ordem de 2,8% a 7,1% para o teor de açúcar, aqui representado pelo Brix e, de 12,9% a 22,9% para a TCH (Jackson et al., 1995a,b; Kimbeng, et al., 2000).

Com relação às médias dos caracteres avaliados, observou-se que, para os caracteres altura e TCH o ambiente de Piracicaba foi melhor, enquanto que para os caracteres Brix, número de perfilhos e TBH os maiores valores ocorreram em Jaú, sendo que para estes dois últimos, as diferenças não foram significativas ($p>0,05$). Já para o caráter diâmetro, os valores médios foram semelhantes nos dois ambientes, lembrando que este caráter é dado por uma nota em que valores altos representam os diâmetros menores.

Tabela 12. Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a); cana-de-açúcar; Jaú, 1993.

FV	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos	2	12382,3950 *	173,3192 **	5,1596 *	9,7597	2455,4018	257,0244 *
Famílias	32	7936,9717 **	50,3702 **	6,9714 **	63,3265 **	5735,8698 **	271,0847 **
Erro	64	2831,7346 **	6,5430 **	1,1426 *	10,0523	2000,1042 *	75,4408
Dentro	2217	749,6233	1,7924	0,8520	10,1770	1472,5497	60,5166
Total	2315						
Média		190,75	20,14	5,32	6,89	72,15	14,56
CV%		5,8	2,6	4,2	9,5	12,8	12,3

$$* p<0,05; ** p<0,01; \bar{k} = 23,4; CV\% = \frac{\sqrt{(QE/\bar{k})}}{Média} \cdot 100$$

Embora a análise conjunta dos dois ambientes tenha mostrado diferenças significativas entre ambientes para os caracteres altura e Brix ($p<0,01$) e para TCH ($p<0,05$), a fonte de variação da interação famílias x ambientes (FA) foi a que mais se destacou, com efeitos significativos para todos os caracteres avaliados ($p<0,01$) (**Tabela 13**). Um detalhamento da magnitude desta interação faz-se

necessário, pois serão justamente estas medidas que irão fornecer ao melhorista o subsídio necessário quanto à estratégia na escolha dos genótipos (famílias) que apresentem adaptação ampla ou restrita aos ambientes específicos.

Tabela 13. Análise conjunta de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.

FV	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos/Ambientes	4	586,8626 **	3,9766 **	0,2682 **	0,8620	170,2865	9,2832 *
Famílias	32	599,3759 **	3,5266 **	0,5568 **	3,7658 **	375,6187 **	13,1691 **
Ambientes	1	44592,0099 **	300,5144 **	0,0043	0,5162	2085,3344 *	18,8916
Famílias x Ambientes	32	223,1332 **	1,3940 **	0,1170 **	1,6983 **	252,7665 **	10,6679 **
Erro Médio	128	96,0686 **	0,2500 **	0,0553	0,4463	84,4751	2,8845
TOTAL	197						
Dentro (média)	2215	736,5574	1,6439	0,9322	10,2466	1676,1147	60,0850
Média		205,84	18,91	5,32	6,84	75,39	14,25
CV (%)		4,8	2,6	4,4	9,8	12,2	11,9

* $p < 0,05$; ** $p < 0,01$.

As estimativas das variâncias de famílias, da interação FA, do erro experimental e dos efeitos de "seedlings" dentro de parcelas, bem como dos respectivos coeficientes de variação genotípicos e fenotípicos estão apresentados na **Tabela 14**. Nela observa-se que o valor de $\hat{V}_a$, que representa a variação entre ambientes, foi expressivo para os caracteres altura e Brix, intermediário para TCH e, praticamente, ausente para os caracteres diâmetro, perfilho e TBH. Embora sempre inferior à variância de famílias ($\hat{\sigma}_f^2$), a variância da interação FA ($\hat{\sigma}_{fa}^2$) teve sua proporção relativa à $\hat{\sigma}_f^2$ oscilando entre 12,3% para o diâmetro e 75,7% para TBH.

Resultados semelhantes foram relatados por Jackson & McRae (1998), que avaliaram quatro populações de "seedlings" de cana-de-açúcar, com 48 famílias na primeira e 100 nas demais, todas originadas de cruzamentos biparentais, em cinco regiões na Austrália. Os autores observaram significância da interação FA

($\hat{\sigma}_{fa}^2$), com valores relativos a $\hat{\sigma}_f^2$ variando de 63% a 120% para a produtividade de açúcar (equivalente à TBH) e concluíram que, por ser superior à metade da $\hat{\sigma}_f^2$, a interação FA deve, obrigatoriamente, ser considerada na seleção de famílias.

Tabela 14. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro médio dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), na análise conjunta do experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.

Variância	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%
$\sigma_{b/a}^2$	14,8725	1,9	0,1129	1,8	0,0065	1,5	0,0126	1,6	2,6003	2,1	0,1939	3,1
σ_f^2	83,8846	4,4	0,5461	3,9	0,0836	5,4	0,5532	10,9	48,5239	9,2	1,7141	9,2
V_a	443,2130	10,2	2,9838	9,1	-0,0033	0,0	-0,0161	0,0	17,6440	5,6	0,0184	1,0
σ_{fa}^2	21,1774	2,2	0,1907	2,3	0,0103	1,9	0,2087	6,7	28,0486	7,0	1,2972	8,0
σ^2	64,5171	3,9	0,1796	2,2	0,0154	2,3	0,0073	1,3	12,6763	4,7	0,3107	3,9
σ_w^2	736,5574	13,2	1,6439	6,8	0,9322	18,1	10,2466	46,8	1676,1147	54,3	60,0850	54,4
σ_{wg}^2	638,0553	12,3	1,2803	6,0	0,5311	13,7	6,1797	36,3	776,5052	37,0	29,2150	37,9
σ_{Fmed}^2	99,8960	4,9	0,5878	4,1	0,0928	5,7	0,6276	11,6	62,6031	10,5	2,1949	10,4
σ_F^2	906,1365	14,6	2,5603	8,5	1,0414	19,2	11,0158	48,5	1765,3635	55,7	63,4070	55,9

CV% - Coeficiente de variação referente à estimativa apresentada na primeira coluna; $\hat{\sigma}_{b/a}^2$ - variância de blocos dentro de ambientes; $\hat{\sigma}_f^2$ - variância genética entre famílias; $\hat{V}_a$ - variação entre locais; $\hat{\sigma}_{fa}^2$ - variância da interação famílias x ambientes; $\hat{\sigma}^2$ - variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$ - variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{wg}^2$ - variância genética entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{Fmed}^2$ - variância fenotípica ao nível de médias de parcelas e; $\hat{\sigma}_F^2$ - variância fenotípica ao nível de plantas individuais.

A decomposição da TBH em Brix e TCH mostrou valores de interação FA, em relação à variância de famílias, da ordem de 35% para Brix e de 58% para TCH. Pelos resultados observa-se que a interação FA exerce mais influência sobre TCH e menos sobre o Brix. Estes resultados concordam, também, com Jackson et al. (1995a), que obtiveram valores de $\hat{\sigma}_{fa}^2$ entre 50% e 100% em relação a $\hat{\sigma}_f^2$ para TCH e valores bastante inferiores (20% a 30%) para o teor de açúcar.

Tabela 15. Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de “seedlings” selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção final de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter Brix; cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.

Tratamento	Piracicaba			Jaú			Média
	Média	CV%	Sel.	Média	CV%	Sel.	
1	18,49	6,8	18	21,04	6,7	19	19,77 *
2	18,55	5,3	16	21,14 *	5,8	21	19,85 *
3	16,19	8,3	0	18,75	7,4	1	17,47
4	18,15	6,8	8	20,96	5,5	15	19,55
5	17,87	5,9	7	20,32	5,9	5	19,09
6	17,77	6,1	4	20,35	7,2	10	19,06
7	17,89	6,4	8	20,47	7,3	9	19,18
8	17,62	6,0	3	20,44	6,2	8	19,03
9	16,57	6,6	0	18,58	8,2	0	17,57
10	16,34	8,6	0	19,58	9,0	4	17,96
11	17,15	6,5	1	20,92	5,9	13	19,04
12	18,92 *	6,4	26	19,52	7,6	0	19,22
13	16,90	8,0	0	18,73	9,4	3	17,81
14	16,78	8,0	1	19,10	8,8	2	17,94
15	17,17	7,3	1	19,80	8,3	9	18,49
16	19,01 *	6,1	28	20,84	5,8	14	19,92 *
17	17,39	8,3	7	20,25	5,8	6	18,82
18	16,32	8,5	1	20,60	6,9	14	18,46
19	17,84	6,6	8	21,29 *	6,4	24	19,56
20	17,62	6,9	5	20,35	7,4	12	18,98
21	19,62 *	6,0	40	21,18 *	7,0	21	20,40 *
22	18,66	6,6	29	21,37 *	7,1	31	20,02 *
23	17,15	8,8	6	18,91	6,4	1	18,03
24	16,36	9,5	2	19,52	7,1	3	17,94
25	19,09 *	7,3	36	19,63	6,3	2	19,36
26	16,68	6,2	0	21,29 *	7,0	30	18,98
27	16,93	9,7	3	21,03	6,3	23	18,98
28	19,21 *	7,1	35	20,07	7,7	9	19,64
29	17,88	5,7	4	20,29	8,3	8	19,09
30	18,91	6,3	32	20,28	6,2	8	19,60
31	17,13	8,2	2	19,51	7,1	2	18,32
32	18,09	7,2	8	19,87	8,4	7	18,98
33	17,17	7,8	2	18,70	8,8	0	17,93
Média/Total	17,68		341	20,14		334	18,91

* Famílias selecionadas; Famílias em que o número de "seedlings" selecionados diferiu, entre os locais, em mais de dez.

Tabela 16. Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de “seedlings” selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção final de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.

Tratamento	Piracicaba			Jaú			Média			
	Média	CV%	Sel.	Média	CV%	Sel.				
1	55,93	62,3	4	59,48	63,2	6	57,70			
2	82,03	51,1	11	80,42	51,7	14	81,22			
3	76,51	50,2	7	66,92	55,5	9	71,72			
4	68,37	68,8	7	73,95	51,1	13	71,16			
5	89,38	53,2	13	73,54	42,9	11	81,46			
6	82,87	55,3	11	75,61	51,4	11	79,24			
7	74,79	67,1	13	66,12	57,9	10	70,45			
8	67,30	51,8	6	57,22	47,9	3	62,26			
9	93,01	*	56,6	19	80,56	*	57,8	15	86,79	*
10	95,39	*	49,8	20	76,13	54,7	10	85,76	*	
11	66,59		58,3	6	81,57	*	54,7	11	74,08	
12	100,45	*	46,4	14	57,28	47,9	1	78,87		
13	75,22		64,6	9	83,41	*	65,3	16	79,31	
14	91,40	*	63,0	17	78,78		50,1	13	85,09	*
15	74,24		46,1	5	69,23		50,1	10	71,73	
16	82,36		49,2	14	74,88		47,3	9	78,62	
17	82,15		52,5	17	75,36		56,8	14	78,75	
18	50,01		59,0	1	71,17		44,9	10	60,59	
19	68,87		47,1	4	77,52		46,2	14	73,19	
20	82,66		45,0	7	83,10	*	49,4	15	82,88	*
21	65,59		59,0	8	72,92		60,3	12	69,26	
22	75,10		57,7	8	62,86		45,6	4	68,98	
23	83,69		63,8	10	62,50		64,9	10	73,09	
24	83,28		56,8	17	75,16		53,7	12	79,22	
25	66,09		57,3	4	71,39		53,3	12	68,74	
26	92,83	*	38,1	17	61,29		48,1	3	77,06	
27	79,64		60,4	13	84,82	*	44,6	19	82,23	
28	84,50		52,2	12	79,81		65,9	15	82,16	
29	81,17		45,6	12	74,84		52,2	11	78,01	
30	80,57		59,0	12	73,37		53,1	12	76,97	
31	89,33		53,8	13	80,00		51,8	14	84,67	*
32	85,39		50,0	11	74,55		46,3	10	79,97	
33	68,31		63,7	6	45,18		60,2	2	56,74	
Média/Total	78,64		348	72,15		351	75,40			

* Famílias selecionadas; Famílias em que o número de "seedlings" selecionados diferiu, entre os locais, em mais de dez.

Tabela 17. Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de “seedlings” selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção final de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.

Tratamento	Piracicaba			Jau			Média
	Média	CV%	Sel.	Média	CV%	Sel.	
1	10,54	65,6	5	12,53	64,0	6	11,54
2	15,28	52,4	12	17,00 *	52,6	16	16,14 *
3	12,38	51,2	6	12,56	56,3	6	12,47
4	12,27	65,7	8	15,45	50,2	13	13,86
5	15,96 *	52,4	14	14,98	43,6	12	15,47
6	14,85	56,3	11	15,53	52,6	13	15,19
7	13,43	67,5	12	13,61	59,2	9	13,52
8	11,79	49,4	4	11,74	48,6	2	11,76
9	15,64	58,1	16	15,22	59,4	13	15,43
10	15,71 *	49,9	18	15,00	54,6	9	15,35
11	11,50	60,2	5	17,03 *	54,5	12	14,26
12	19,02 *	46,2	21	11,16	49,6	2	15,09
13	12,85	67,3	8	15,62	65,6	13	14,23
14	15,50	64,4	14	15,03	50,8	10	15,26
15	12,73	45,8	6	13,73	50,6	8	13,23
16	15,69 *	49,2	16	15,66	48,2	13	15,68 *
17	14,34	52,4	14	15,40	58,5	15	14,87
18	8,24	60,7	1	14,66	46,0	11	11,45
19	12,31	47,1	3	16,50 *	46,4	16	14,40
20	14,62	44,5	8	17,15 *	52,9	18	15,88 *
21	12,89	60,0	10	15,51	61,3	14	14,20
22	14,06	58,2	10	13,38	44,7	4	13,72
23	14,34	62,1	10	11,81	64,1	9	13,07
24	13,71	57,3	16	14,74	54,6	12	14,22
25	12,61	56,7	9	14,10	54,4	12	13,35
26	15,54	39,5	12	13,02	48,0	4	14,28
27	13,72	61,4	13	17,81 *	44,2	19	15,76 *
28	16,28 *	53,0	15	15,72	61,4	13	16,00 *
29	14,56	46,3	11	15,22	52,8	11	14,89
30	15,33	59,1	13	14,85	52,3	12	15,09
31	15,27	52,5	11	15,53	51,1	11	15,40
32	15,35	48,5	10	14,75	46,2	9	15,05
33	11,71	62,7	5	8,36	58,2	1	10,04
Média/Total	13,94		347	14,56		348	14,25

* Famílias selecionadas; Famílias em que o número de "seedlings" selecionados diferiu, entre os locais, em mais de dez.

O efeito da acentuada proporção de σ_{fa}^2 pode ser melhor observada nas

Tabelas 15, 16 e 17, que apresentam os valores médios da família em cada ambiente, respectivamente, para os caracteres Brix, TCH e TBH, e também, o

coeficiente de variação fenotípico (CV%) dentro das famílias e o número de plantas (“seedlings”) potencialmente selecionáveis em cada família com taxa de seleção massal de 0,15.

Considerando, em primeira instância, uma taxa de seleção de 0,15 entre famílias em cada ambiente, observa-se que, para os caracteres Brix e TCH, das cinco famílias selecionadas em cada local, só uma foi comum, ou seja, a coincidência foi de apenas 20%. Esta comparação torna-se ainda mais séria quando se considera o caráter TBH, função dos outros dois anteriores e o mais importante na seleção. Para este caráter, das cinco famílias selecionadas em cada ambiente, nenhuma foi comum. Nesta comparação destaca-se o comportamento da família 12 que em Piracicaba foi a primeira colocada e em Jaú foi a penúltima (**Figura 6**).

Figura 6 - Valores médios de toneladas de Brix por hectare (TBH) das famílias nas localidades de Piracicaba e Jaú; cana-de-açúcar, 1993.

A análise do número de “seedlings” selecionados dentro de cada família, com taxa de seleção final de 0,15, mostrou diferenças maiores quando a seleção realizada para o caráter Brix, como pode ser observado na **Tabela 15**, na qual verifica-se a ocorrência de famílias com grande número de indivíduos selecionados

em um local e nenhum (ou poucos) no outro, como é o caso das famílias 12, 16, 21, 25, 28 e 30 com mais indivíduos selecionados em Piracicaba e o das famílias 11, 18, 19, 26 e 27 com mais indivíduos selecionados em Jaú. Já para os caracteres TCH e TBH (**Tabelas 16 e 17**) esta variação também pôde ser observada, porém em menor intensidade. Quanto às demais estimativas da variância genética e fenotípica apresentadas na **Tabela 14**, nota-se que a proporção da variância genética existente entre e dentro de famílias ($\sigma_f^2 : \sigma_{wg}^2$) foi, aproximadamente, de 1:2 para Brix e, de 1:16 para TCH e TBH. A menor variância genética dentro de famílias para Brix valorizou a importância de σ_f^2 , fazendo com que poucas famílias concentrassem a maior parte dos indivíduos selecionados de forma massal.

Tabela 18. Decomposição da interação FA em valores fenotípicos nos componentes *A* e *B* e estimativa da correlação (r_{12}) entre as localidades de Piracicaba e Jaú, para os caracteres Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar, 1993.

Caráter	r_{12}	A%	B%
Brix	0,4365	0,1	99,9
TCH	0,2053	0,3	99,7
TBH	0,1074	0,0	100,0

Um detalhamento maior da natureza da interação famílias x ambientes foi obtido com o desdobramento do quadrado médio QFA. Como exposto na **Tabela 18**, observa-se que o componente *B*, que é fruto da interação complexa manifestada entre as famílias, é responsável pela totalidade da interação FA. Deduz-se, então, existir grande dificuldade em selecionar famílias adaptadas a ambos os locais. De fato, como já observado pela análise das médias nas **Tabelas 15 a 17** e também apresentado na **Figura 6**, para TBH, apenas a família 21 foi selecionada pelo Brix nos dois ambientes, a família 9 pela TCH e nenhuma delas pela TBH.

Repetindo o processo da decomposição apresentada na **Tabela 18**, desta vez em valores genotípicos (**Tabela 19**), observou-se que, semelhantemente

ao observado no desdobramento do quadrado médio *QFA* fenotípico, o predomínio da parte complexa (componente *B*) ainda foi bastante alto, indicando a dificuldade de uma seleção de famílias comuns aos dois ambientes.

Tabela 19. Decomposição da interação FA ao nível de valores genotípicos nos componentes *A* e *B* e estimativa da correlação genética (r_{G12}) entre os ambientes de Piracicaba e Jaú, para os caracteres Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar, 1993.

Caráter	r_{G12}	A%	B%
Brix	0,4880	1,8	98,2
TCH	0,2856	6,4	93,6
TBH	0,1393	0,2	99,8

Conclui-se, portanto, que a possibilidade de obtenção de famílias superiores nas duas localidades existe, pois, como apresentado na discussão com base nas médias (embora isso não tenha ocorrido para o caráter TBH), uma pequena fração das famílias foi selecionada em comum para Brix e TCH. Para obter e identificar genótipos que sejam superiores em ambos os ambientes, será necessário avaliar um número bem maior de famílias, o que poderá ser bastante oneroso.

Também, apenas para reforçar a importância desta interação, deve-se lembrar que a seleção é praticada nos “seedlings” e se a interação já é grande nas famílias, ela deve ser ainda maior nas plantas individuais, de forma que mesmo que a família seja selecionada em comum aos dois ambientes, os indivíduos selecionados no interior destas famílias dificilmente serão os mesmos.

Uma outra estatística que pode ser feita na avaliação do grau da interação FA, diz respeito às respostas esperadas com a seleção. Pelo exposto na **Tabela 20**, verifica-se que a seleção indireta (seleção em um ambiente e resposta esperada no outro – tipo **b**) é muito pouco eficiente, chegando até a apresentar resposta negativa para TCH (seleção em Piracicaba e resposta em Jaú) e a TBH (seleção em Piracicaba e resposta em Jaú e vice-versa). Isso significa que, para

esses caracteres e nestas condições, a seleção em um ambiente e plantio no outro implica em piora na média da população. Já a seleção com base na médias dos dois locais (tipo c) apresentou ganhos, embora sempre inferiores aos ganhos apresentados com seleção e resposta em um mesmo local (tipo a). A seleção para o caráter TBH, realizada com base nas médias dos locais, teve uma perda de 8,1% (1,13 TBH) e de 2,2% (0,31 TBH), respectivamente, para Piracicaba e Jaú, quando comparada com os ganhos com a seleção e a resposta esperadas no mesmo local.

Tabela 20. Progresso esperado com a seleção de famílias para os caracteres Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), baseada em diferentes critérios seletivos, nas localidades de Piracicaba (1), Jaú (2) e na média de ambas; cana-de-açúcar, 1993.

Tipo	Seleção	Resposta	Brix			TCH			TBH		
			GS		Diferença	GS		Diferença	GS		Diferença
			Abs.	%	Abs.	Abs.	%	Abs.	Abs.	%	Abs.
a	1	1	1,37	7,7	0,00	12,51	15,9	0,00	2,07	14,8	0,00
b	2	1	0,54	3,1	-0,83	0,61	0,8	-11,89	-0,36	-2,6	-2,43
c	Média	1	1,09	6,2	-0,28	9,17	11,7	-3,33	0,94	6,7	-1,13
Média do caráter (1)			17,68			78,64			13,94		
b	1	2	0,09	0,5	-0,88	-0,87	-1,1	-7,74	-0,04	-0,3	-1,87
a	2	2	0,97	4,8	0,00	6,87	8,7	0,00	1,83	13,1	0,00
c	Média	2	0,85	4,2	-0,12	4,93	6,3	-1,94	1,52	10,9	-0,31
Média do caráter (2)			20,14			72,15			14,56		
c	Média	Média	1,00	5,3		7,47	9,9		1,28	9,0	
Média Geral			18,91			75,40			14,25		

Legenda: a - seleção e resposta no mesmo ambiente; b - seleção em um ambiente e resposta no outro; c - seleção pela média e resposta em um ambiente ou na média de ambos; GS - ganho com a seleção ($GS = ds.\hat{h}_m^2$); Abs. – valor absoluto; Diferença - desvio, em valor absoluto, entre o ganho esperado com a seleção e a resposta praticada no mesmo local.

Jackson et al. (1995a) estimaram ganhos com a seleção da ordem de 4,9%, 7,9% e 7,7%, respectivamente para o teor de açúcar, TCH e TAH, com uma seleção baseada na média de dois locais. Nota-se que os resultados apresentados

na **Tabela 20** são semelhantes para o Brix (5,3%) e ligeiramente superiores em TCH (9,0%) e TBH (9,9%).

Dada a forte interação FA entre as localidades de Piracicaba e Jaú, interação esta complexa tanto fenotípica quanto genotipicamente em quase sua totalidade, fica bastante claro que as maiores respostas ocorrerão com a seleção específica dentro de cada local. De qualquer forma, cabe ao melhorista a escolha entre selecionar as famílias de alta produtividade (TBH, por exemplo) nos dois ambientes (adaptabilidade ampla) ou selecionar as melhores famílias específicas para cada ambiente, mesmo que tenham produzido bem em apenas um local (adaptabilidade específica).

Esta seleção específica, entretanto, assume que as etapas subsequentes do programa respeitem esta regionalização e que a performance individual esteja geneticamente correlacionada com o resultado da família. Caso contrário é mais coerente que a seleção seja feita com base na média dos locais pois, embora com resposta inicial menor, o material selecionado certamente terá uma condição melhor para a adaptação geral. Esta tendência geral tem sido relatada por alguns outros autores (Ceccarelli, 1989; Simmonds, 1991; Jackson & Hogarth, 1992; Jackson et al., 1995a,b). Entretanto, esta não constitui regra geral. Além disso, para selecionar generalistas superiores é preciso trabalhar com um número bem maior de famílias, o que não ocorre necessariamente numa seleção de especialistas.

Jackson & McRae (1998) correlacionaram a performance das famílias com os clones originários da sua seleção e observaram que o ganho foi maior quando se considerou o comportamento médio das famílias em vários ambientes. Os autores terminam por concluir que a seleção de famílias buscando adaptação ampla parece ser favorável na identificação de clones superiores a ambientes específicos. A idéia de que a seleção de famílias baseada no comportamento em ambientes específicos é melhor na identificação de clones superiores para a região em questão é válida, porém deve ser averiguada para cada ambiente em particular.

É importante considerar, também, que este estudo foi conduzido em apenas um ano agrícola e com 33 famílias, amostradas entre cruzamentos biparentais e policruzamentos realizados em uma única temporada. Como os

resultados obtidos mostraram forte interação famílias x ambientes e o seu efeito marcante nas respostas esperadas com a seleção, é aconselhável que eles sejam confirmados em outros experimentos, realizados em anos diferentes, com novas famílias e, se possível, com populações maiores. Nesse contexto, deve-se acrescentar a necessidade de se elaborar um zoneamento agrícola detalhado na escolha dos ambientes onde a seleção irá ocorrer.

4.2 Análise da variância individual

Como já comentado no item anterior, as análises individuais (**Tabelas 11 e 12**) mostraram diferenças significativas ($p < 0,05$) entre famílias, nas duas localidades e para todos os caracteres avaliados. As estimativas genéticas e fenotípicas derivadas dos quadrados médios de cada análise encontram-se nas **Tabelas 22 e 23**. As estimativas da variância ambiental dentro de parcelas (σ_{ew}^2) foram obtidas a partir da análise do ensaio de clones, na localidade de Piracicaba, cujos quadrados médios encontram-se na **Tabela 21**.

As estimativas da variância genética de famílias das análises individuais apresentaram, para todos os caracteres, resultados superiores em relação às obtidas da análise conjunta. Isso comprova a presença nas análises individuais, de uma variância genética proveniente da interação FA que está inflacionando $\hat{\sigma}_f^2$ e, por conseqüência, todas as demais estimativas obtidas a partir desta variância. Para o caráter TBH, por exemplo, obtiveram-se valores de $\hat{\sigma}_f^2$ iguais a 3,3373, 2,7893 e 1,7141, respectivamente para Piracicaba, Jaú e para a análise conjunta nos dois locais. Observou-se, então, que o valor de $\hat{\sigma}_f^2$ estimado nas análises individuais foi quase o dobro do valor obtido na análise conjunta.

Tabela 21. Quadrados médios da análise da variância ao nível de médias de clones para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), no experimento (a); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

F.V.	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos	1	8,6289	0,1444	0,2809	1,1396 *	255,9995	11,3658
Clones	7	2620,4047 **	3,5280 **	1,4189 **	1,2198 *	1249,9968 **	48,4826 **
Erro	7	47,5845 **	0,1602	0,0612	0,2020	70,2506	2,1884
Dentro	171	112,8647	0,3164	0,4020	4,0120	815,0291	59,6534
Média		208,54	17,77	4,23	5,40	117,70	21,00
CV%		3,3	2,3	5,8	8,3	7,1	7,0

* $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; $\bar{k} = 11,72$.

4.2.1 Distribuição da variância genética entre e dentro de famílias

A proporção da variância genética entre famílias (σ_f^2) em relação à variância genética total (σ_G^2), obviamente em uma espécie como a cana-de-açúcar, sempre será menor que um. No entanto, ela variará em função dos diferentes caracteres e da constituição genética da população que está sendo avaliada. Ela diferirá, também, se as progênies avaliadas advirem de cruzamentos entre irmãos germanos ou meia irmãs, sendo que estas últimas, teoricamente, apresentarão uma proporção menor da variância genética entre famílias.

Como relacionado no item referente à população base, verificou-se que, do total de famílias avaliadas no experimento (a), 55% foram de cruzamentos biparentais, ou seja, irmãs germanas (IG) e 45% de policruzamentos, ou seja, meia irmãs (MI). A interpretação da análise será feita, então, considerando-se uma população mista e lembrando que esta proporção poderia variar para mais ou para menos, caso a análise fosse realizada individualizando-se o tipo de cruzamento envolvido.

Tabela 22. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%
σ_f^2	136,3355	5,3	0,8421	5,2	0,1042	6,1	0,7647	12,9	100,2906	12,7	3,3373	13,1
σ^2	41,7357	2,9	0,1616	2,3	0,0172	2,5	0,0322	2,6	2,9654	2,2	-0,0183	0,0
σ_w^2	723,4916	12,2	1,4954	6,9	1,0125	18,9	10,3162	47,3	1879,6797	55,1	59,6534	55,4
σ_{gw}^2	610,6269	11,2	1,1790	6,1	0,6105	14,7	6,3042	37,0	902,8102	38,2	30,1190	39,4
σ_{ew}^2	112,8647	4,8	0,3164	3,2	0,4020	11,9	4,0120	29,5	976,8696	39,7	29,5344	39,0
σ_G^2	746,9624	12,4	2,0211	8,0	0,7148	15,9	7,0689	39,1	1003,1008	40,3	33,4563	41,5
σ_{Fmd}^2	160,5780	5,7	0,9173	5,4	0,1244	6,6	0,9227	14,1	128,1187	14,4	4,1830	14,7
σ_F^2	901,5628	4,9	2,4991	8,9	1,1339	20,0	11,1131	49,1	1982,9358	56,6	62,9907	56,9

CV% - Coeficiente de variação expresso em valor percentual referente à estimativa apresentada na primeira coluna; Estimativas de componentes da variância: $\hat{\sigma}_f^2$ - variância genética entre famílias; $\hat{\sigma}^2$ - variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$ - variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{gw}^2$ - variância genética entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{ew}^2$ - variância ambiental entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_G^2$ - variância genética total; $\hat{\sigma}_{Fmd}^2$ - variância fenotípica ao nível de médias de parcelas e; $\hat{\sigma}_F^2$ variância fenotípica ao nível de plantas individuais.

Utilizou-se uma população mista na estrutura das progênies, visto que os programas de melhoramento existentes no Brasil, entre eles o da Copersucar (Copersucar, 2000), utilizam tanto cruzamentos biparentais como policruzamentos em proporções equivalentes. Cruzamentos biparentais tendem a ser mais utilizados nos demais países, não desconsiderando aqueles que utilizam exclusivamente policruzamentos, como é o caso do programa do HSPA, no Havaí (Jackson et al., 1996).

Tabela 23. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Jaú, 1993.

Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%
σ^2_f	72,7855	4,5	0,6248	3,9	0,0831	5,4	0,7595	12,7	53,2609	10,1	2,7893	11,5
σ^2	89,0541	4,9	0,2032	2,2	0,0124	2,1	-0,0053		22,5641	6,6	0,6383	5,5
σ^2_w	749,6233	14,4	1,7924	6,6	0,8520	17,4	10,1770	46,3	1472,5497	53,2	60,5166	53,4
σ^2_{gw}	665,4837	13,5	1,3817	5,8	0,4516	12,6	6,0551	35,7	650,2003	35,3	28,3111	36,6
σ^2_{ew}	84,1396	4,8	0,4107	3,2	0,4004	11,9	4,1218	29,5	822,3495	39,7	32,2055	39,0
σ^2_G	738,2692	14,2	2,0065	7,0	0,5347	13,8	6,8146	37,9	703,4611	36,8	31,1004	38,3
σ^2_{Fmd}	113,1575	5,6	0,7181	4,2	0,0994	5,9	0,9028	13,8	81,7764	12,5	3,8649	13,5
σ^2_F	911,4628	4,5	2,6205	8,0	0,9475	18,3	10,9365	48,0	1548,3747	54,5	63,9442	54,9

CV% - Coeficiente de variação expresso em valor percentual referente à estimativa apresentada na primeira coluna; Estimativas de componentes da variância: $\hat{\sigma}_f^2$ - variância genética entre famílias; $\hat{\sigma}^2$ - variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$ - variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{gw}^2$ - variância genética entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{ew}^2$ - variância ambiental entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_G^2$ - variância genética total; $\hat{\sigma}_{Fmd}^2$ - variância fenotípica ao nível de médias de parcelas e; $\hat{\sigma}_F^2$ variância fenotípica ao nível de plantas individuais.

Após a estimação de $\hat{\sigma}_{gw}^2$, obteve-se $\hat{\sigma}_G^2$ bem como a comparação entre $\hat{\sigma}_f^2$ e $\hat{\sigma}_{gw}^2$ para todos os caracteres avaliados, nas duas localidades. A **Tabela 24** apresenta, para cada caráter, os valores percentuais de $\hat{\sigma}_f^2$ e $\hat{\sigma}_{gw}^2$ relativos a $\hat{\sigma}_G^2$ e os respectivos coeficientes de variação, nas duas localidades. A análise dos valores percentuais mostra o predomínio do componente genético dentro de famílias sobre o componente entre famílias para todos os caracteres e em ambas localidades. De forma geral, a localidade de Jaú destacou ainda mais a grandeza da variabilidade genética dentro das famílias. Com relação aos caracteres individualizados, tem-se o Brix como o caráter que, proporcionalmente, teve os valores de $\hat{\sigma}_{gw}^2$ mais próximos aos valores de $\hat{\sigma}_f^2$ e, no outro extremo, tem-se a TCH como o caráter que

apresentou a maior diferença entre $\hat{\sigma}_f^2$ e $\hat{\sigma}_{gw}^2$, ou seja, para este caráter quase a totalidade da variação genética mostrou-se retida entre “seedlings” dentro das famílias.

Tabela 24. Decomposição da Variância genética total nos componentes entre e dentro de famílias, nas localidades de Piracicaba e Jaú, para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar, 1993.

Local	Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
		%	CV%	%	CV%	%	CV%	%	CV%	%	CV%	%	CV%
Piracicaba	σ_f^2	18,3	5,3	41,7	5,2	14,6	6,1	10,8	12,9	10,0	12,7	10,0	13,1
	σ_{gw}^2	81,7	11,2	58,3	6,1	85,4	14,7	89,2	37,0	90,0	38,2	90,0	39,4
Jaú	σ_f^2	9,9	4,5	31,1	3,9	15,5	5,4	11,1	12,7	7,6	10,1	9,0	11,5
	σ_{gw}^2	90,1	13,5	68,9	5,8	84,5	12,6	88,9	35,7	92,4	35,3	91,0	36,6

CV% - Coeficiente de variação referente à estimativa apresentada na segunda coluna; $\hat{\sigma}_f^2$ - estimativa da variância genética entre famílias; $\hat{\sigma}_{gw}^2$ - estimativa da variância genética entre plantas dentro de famílias.

A análise da TBH mostrou um comportamento semelhante ao observado com a TCH, ou seja, 90% da variação genética total encontrou-se dentro das famílias. Resultados da literatura, em outros ambientes, mostram valores diferentes. Brown et al. (1968), na Austrália, relataram que, para a produção de açúcar (equivalente à TBH), 28% da variância genética total localizou-se entre famílias. Mullins (1988), também na Austrália, trabalhando com famílias mistas observou valores de 37% para esta proporção. Mariotti et al. (1999), na Argentina, avaliaram 10 famílias de irmãos germanos em dois experimentos e observaram valores médios para σ_f^2 relativos a σ_G^2 de 50% para TCH, 52% para Brix, 25% para o número de perfilhos, 44% para a altura e 14% para o diâmetro dos colmos. Os autores destacam que, no caso de irmãos germanos, os valores próximos de 1,0 para a proporção $\sigma_f^2 : \sigma_{gw}^2$, como foi o caso do Brix e da TCH, sugerem uma forte

predominância de efeitos aditivos na determinação da variabilidade genética gerada pelo cruzamento. Da mesma forma, valores inferiores a um indicam graus diferentes de efeitos genéticos, caso dos demais caracteres, principalmente para o número de perfilhos e o diâmetro.

Comparando-se as proporções das variâncias genéticas entre e dentro das famílias, observou-se que os resultados do presente trabalho apresentaram, em geral, uma proporção menor de variação genética entre famílias em relação à variação genética total.

Um argumento para esclarecer o porquê desta baixa relação $\sigma_f^2 : \sigma_{gw}^2$, quando comparada com a literatura, baseia-se na constituição da população utilizada no experimento. O fato de haver cruzamentos do tipo de meio irmãos por si só já implica em maior variabilidade genética dentro das famílias. Uma segunda possibilidade é função de os cruzamentos utilizados na constituição da população base advirem de combinações entre genitores de baixa divergência genética.

A variabilidade genética entre famílias, gerada pelos cruzamentos realizados, pode ter sua grandeza comparada com a literatura, em termos da análise do coeficiente de variação genético entre e dentro de famílias. Estes coeficientes (CV) estão apresentados nas **Tabelas 22 e 23** e resumidos na **Tabela 24**. Para o caráter TBH tem-se que o CV para $\hat{\sigma}_f^2$ foi de 13,1% e 11,5% ,respectivamente, para as localidades de Piracicaba e Jaú, enquanto que este CV para $\hat{\sigma}_{gw}^2$ foi de 39,4% e 36,6%, respectivamente. Estes CV% para $\hat{\sigma}_f^2$ apresentados são muito semelhantes aos da literatura, mesmo quando comparados com valores originários de famílias de irmãos germanos (IG) apenas. Trabalhando com seleção de famílias de IG na Austrália, Hogarth & Bull (1990) encontraram CV de 10,0% na região Sul, Jackson et al. (1995) relataram CV de 7,2% para a região Herbert e McRae & Jackson (1995) apresentaram CV de 14,5% para a região de Burdekin.

Subdividindo-se a **Tabela 24**, conforme a estrutura das progênes, ou seja, irmãos germanos (IG) e meio irmãos (MI) (**Tabela 25**), observou-se que, na localidade de Piracicaba, os caracteres diâmetro, TCH e TBH apresentaram, proporcionalmente, maior variância genética entre famílias para progênes de IG,

em comparação com as de MI, o que, conforme a teoria, era de se esperar (Falconer & Mackay, 1996). No entanto, para os demais caracteres, ou seja, altura, Brix e número de perfilhos, as estimativas de $\hat{\sigma}_f^2$ apresentaram valores semelhantes na comparação entre famílias de IG e de MI.

Tabela 25. Porcentagem da variância genética entre famílias em relação à variância genética total, nas localidades de Piracicaba e Jaú, para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), com subdivisão para o tipo de cruzamento utilizado na obtenção da família; cana-de-açúcar, 1993.

Local	Tipo	Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
			%	CV%	%	CV%	%	CV%	%	CV%	%	CV%	%	CV%
Jaú	IG	σ_f^2	10,4	4,6	31,7	3,9	17,9	5,9	22,7	13,4	5,7	8,5	5,8	9,0
Jaú	MI	σ_f^2	5,9	3,3	32,2	4,0	13,7	4,9	8,9	10,9	9,9	12,0	12,9	14,1
Piracicaba	IG	σ_f^2	16,6	5,0	40,3	5,0	17,4	6,7	8,3	14,6	14,5	16,0	15,5	17,3
Piracicaba	MI	σ_f^2	16,9	5,0	42,6	5,4	11,7	5,4	10,4	12,6	4,4	8,0	2,5	6,1

IG – irmãos germanos; MI – meio irmãos; CV% - coeficiente de variação referente à estimativa da variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_f^2$).

Quando se analisaram as estimativas de $\hat{\sigma}_f^2$ na localidade de Jaú, observou-se um comportamento semelhante ao ocorrido em Piracicaba apenas para os caracteres Brix e diâmetro. Os caracteres altura e número de perfilhos mostraram comportamento conforme a teoria, ou seja, $\hat{\sigma}_f^2$ para famílias de IG maior que para MI. Em Piracicaba, estes caracteres apresentaram estimativas semelhantes. Finalmente, tem-se os caracteres TCH e TBH com resultados inversos ao esperado teoricamente e, também, ao observado em Piracicaba. Para estes caracteres a estimativa de $\hat{\sigma}_f^2$ foi, proporcionalmente, maior quando se utilizaram progênies MI.

De forma geral, apenas o diâmetro apresentou, em ambas as localidades, as estimativas de $\hat{\sigma}_f^2$ relativas a σ_G^2 maiores para famílias de irmãos germanos (IG), quando comparadas com famílias de meio irmãos (MI), como seria

de se esperar. O Brix apresentou valores semelhantes nas duas localidades e os demais caracteres (altura, número de perfilhos, TCH e TBH) apresentaram resultados conforme o esperado em apenas um dos locais, com destaque para TCH e TBH, nos quais os resultados apresentaram comportamento inverso.

Este comportamento diferente em relação ao esperado, pode ser devido ao fato de que os genitores envolvidos na obtenção das famílias de IG não foram os mesmos envolvidos na obtenção das famílias de MI e também pode ser função do número restrito de famílias avaliadas. As análises de variância, assim como as estimativas de seus componentes, que consideram o tipo de progênie obtida estão apresentados nos **Anexos D e E**.

4.2.2 Estimativa da herdabilidade dos caracteres

As estimativas da herdabilidade com base na média das famílias e das plantas individuais no ensaio como um todo e entre plantas dentro de parcelas estão apresentadas na **Tabela 26**. Observaram-se valores elevados de h_m^2 para todos os caracteres, considerando o ambiente em separado e, também, em conjunto. Também foram elevadas as estimativas de h_i^2 (herdabilidade ao nível individual) nos caracteres altura e Brix, intermediárias para os demais caracteres. O menor valor de h_i^2 foi obtido para na variável TCH.

Comparativamente aos resultados da literatura, apresentados na **Tabela 2** (Skinner, et al., 1987), observou-se que as estimativas baseadas nas famílias mostraram-se bastante equivalentes às apresentadas na Austrália, exceto para o caráter número de perfilhos, que teve um valor inferior (0,83 e 0,84, respectivamente, para Piracicaba e Jaú contra 0,90 da **Tabela 2**). Porém, quando se comparam as estimativas de h_i^2 , observa-se que os valores aqui relatados foram bastante superiores aos da literatura.

A estimativa da herdabilidade para plantas individuais variaram de moderada a alta, quer seja no ensaio como um todo (h_i^2) ou entre plantas dentro de

parcelas (h_d^2). Estes valores são consequência de um efeito ambiental menor entre “seedlings” dentro de famílias e entre famílias dentro de blocos.

Na tentativa de comparar as variâncias genéticas entre e dentro de famílias em relação à variância genética total, Mariotti et al. (1999) calcularam estimativas de h_d^2 para dez cruzamentos de IG na Argentina. Quando comparados com as estimativas do presente trabalho, observou-se que os valores de h_d^2 foram semelhantes para o caráter número de perfilhos (0,61), superiores para o diâmetro (0,75) e inferiores para a altura, Brix, e TCH (0,51, 0,46 e 0,34, respectivamente). Mesmo com estimativas inferiores para Brix e TCH, os autores concluíram que essa magnitude da variação genética dentro de famílias foi suficientemente alta possibilitando questionar a eficiência da seleção por famílias. Os autores defenderam os méritos da seleção individual como uma estratégia simples e suficientemente equilibrada, capaz de contabilizar bem ambas as estratégias.

Tabela 26. Estimativa da herdabilidade com famílias (h_m^2) e com plantas individuais (h_i^2) e dentro de parcelas (h_d^2) para as localidades de Piracicaba, Jaú e conjunta para ambas; cana-de-açúcar, 1993.

Local	Nível	Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Piracicaba	h_m^2	0,849	0,918	0,838	0,829	0,783	0,798
	h_i^2	0,829	0,809	0,630	0,636	0,506	0,531
	h_d^2	0,844	0,788	0,603	0,611	0,480	0,505
Jaú	h_m^2	0,643	0,870	0,836	0,841	0,651	0,722
	h_i^2	0,810	0,766	0,564	0,623	0,454	0,486
	h_d^2	0,888	0,771	0,530	0,595	0,442	0,468
Conjunta	h_m^2	0,840	0,929	0,901	0,881	0,775	0,781

Fazendo uma comparação das estimativas da herdabilidade ao nível de plantas individuais entre blocos e dentro de parcelas, observa-se que os valores são bastante próximos. Esta proximidade ocorreu devido à baixa magnitude do erro experimental entre parcelas dentro de blocos que, algumas vezes, chegou a ser

nulo. A consequência prática desta baixa estimativa de $\hat{\sigma}^2$ é que a seleção não precisa ser estratificada em parcelas muito pequenas.

Um outro ponto a ser considerado refere-se à estimativa da herdabilidade obtida da análise conjunta em comparação à mesma estimativa obtida das análises individuais. De acordo com a teoria, estimativas da herdabilidade obtidas em apenas um ambiente tendem a apresentar um valor maior, uma vez que a variância genotípica entre famílias inclui, também, a variância da interação de tratamentos por ambientes. Por outro lado, na análise conjunta as famílias são avaliadas com mais repetições, reduzindo a participação do erro experimental na variância fenotípica entre as médias delas.

Como observado na **Tabela 26**, a estimativa da herdabilidade com médias de famílias, a partir da análise conjunta, ou seja, sem a componente $\hat{\sigma}_{fa}^2$ no numerador foi, para a maioria dos caracteres, superior às estimativas correspondentes para cada localidade em separado, mostrando que o efeito da interação famílias x ambientes não foi maior que a divisão de $\hat{\sigma}^2$ pelos dois locais na estimativa da variância fenotípica da análise conjunta.

4.3 Resposta esperada com a seleção

Como apresentado no item referente a material e métodos, os resultados referentes à resposta esperada à seleção foram obtidos considerando-se: **(a)** a seleção realizada de forma direta para o caráter principal (Y); e **(b)** a seleção realizada de forma indireta para o caráter principal, na qual a seleção individual é realizada via avaliação visual (X) no intuito de prever o caráter principal (Y), em função da correlação genética entre X e Y.

4.3.1 Seleção direta

A **Tabela 27** apresenta as estimativas da resposta esperada com a seleção realizada de forma massal sobre uma estrutura de famílias (RS_m), baseada em famílias (RS_f), de forma sequencial modificada, entre e dentro de famílias

(RS_{sm}) e através de dois índices de seleção que levam em consideração todas as informações sobre o caráter obtidas na análise de variância (RS_{i1} e RS_{i2}).

Numa análise do grau de dificuldade para a execução da seleção, tem-se a seleção massal como a mais simples, na qual apenas o valor do indivíduo é considerado. Segue a seleção de famílias, em que os indivíduos, agrupados em famílias, são plantados conforme delineamentos experimentais para que se possa obter a informação da parcela. Em seguida, tem-se a seleção sequencial e, finalmente, a seleção combinada, realizada através de índices em que, além da informação da parcela, faz-se necessária a informação referente ao indivíduo dentro da parcela.

Tabela 27. Progresso esperado com a seleção massal (RS_m), por famílias (RS_f), sequencial modificada (RS_{sm}) e combinada (RS_{i1} e RS_{i2}) através de dois índices de seleção, para uma taxa final de 0,15; cana-de-açúcar; Piracicaba e Jaú, 1993.

Ganhos		Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
por método		%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*
1	RS_m	17,50	0,00	11,24	0,00	19,59	0,00	48,51	0,00	44,53	0,00	47,01	0,00
	RS_f	6,14	-11,36	7,73	-3,51	7,36	-12,23	18,58	-29,93	15,86	-28,67	14,82	-32,19
	RS_{sm}	18,15	0,65	11,54	0,30	20,19	0,60	49,98	1,47	45,87	1,34	48,25	1,24
	RS_{i1}	18,09	0,58	11,82	0,58	20,33	0,74	49,64	1,13	46,55	2,03	48,81	1,80
	RS_{i2}	18,06	0,55	11,70	0,46	20,28	0,69	49,67	1,16	46,41	1,89	48,72	1,72
2	RS_m	19,93	0,00	9,57	0,00	16,06	0,00	46,51	0,00	38,52	0,00	41,53	0,00
	RS_f	4,56	-15,37	4,83	-4,74	6,23	-9,83	19,18	-27,33	9,51	-29,01	12,62	-28,91
	RS_{sm}	21,33	1,40	9,99	0,42	16,59	0,53	47,53	1,02	39,80	1,28	42,70	1,17
	RS_{i1}	21,16	1,24	10,19	0,62	16,91	0,85	47,61	1,10	40,76	2,24	43,72	2,19
	RS_{i2}	21,15	1,22	10,06	0,49	16,81	0,75	47,61	1,10	40,63	2,12	43,57	2,04

* Δ corresponde à variação no ganho em relação à média do caráter sobre o método da Seleção Massal; Local: 1 - Piracicaba, 2 - Jaú.

Analisando os resultados apresentados na **Tabela 27** observa-se que, embora seja o sistema de seleção mais simples, a resposta esperada com a seleção

massal (RS_m) foi apenas ligeiramente menor que as esperadas na seleção sequencial e nas baseadas em índices.

Deve-se destacar que os valores de RS_f aqui apresentados não consideraram os ganhos com a seleção dentro da família. Neste método essa seleção dentro das famílias foi realizada de forma aleatória, o que na prática não ocorre. As respostas esperadas com a seleção de famílias foram apresentadas na **Tabela 27** com o propósito de mostrar o seu pequeno valor, a fim de destacar a importância da seleção dentro das famílias.

A seleção de famílias realizada na prática implica em uma seleção estratificada dentro das famílias selecionadas, ou seja, um número fixo de plantas ("seedlings") é selecionado dentro de um número, também fixo, de famílias. Se considerada a seleção dentro de famílias como um complemento da seleção de famílias, o método, então, passa a ser o sequencial.

Da análise da **Tabela 27**, para uma taxa de seleção de 0,15, observa-se que as estimativas de RS_{sm} ⁸ variaram entre 0,30% a 1,47% acima do calculado para a seleção massal, respectivamente para Brix e número de perfilhos, na localidade de Piracicaba. Em Jaú essas diferenças ficaram entre 0,42% a 1,40%, respectivamente, para Brix e altura média dos colmos

Na análise comparativa das diferenças entre RS_m e RS_{sm} para as duas localidades, observou-se uma tendência de maior ganho esperado para a sequencial, nos caracteres número de perfilhos, TCH e TBH. Essa vantagem, no entanto, não ultrapassou os 2%.

Deve-se destacar que esta variação no ganho é sobre a média do caráter e não sobre o percentual de resposta do método de seleção massal. Uma variação na resposta de 1,24% significa, por exemplo, que, no caso da TBH em Piracicaba, a

⁸ As equações do tipo ($RS_{sm} = aE + bD + c$) utilizadas para a obtenção da taxa de seleção dentro de cada família, pelo método sequencial modificado, estão apresentadas no **Anexo F**.

resposta à seleção passou de 47,01% para 48,25%. Se essa diferença fosse calculada sobre os 47,01% (RS_m), seria de 2,65%. Mesmo assim, notou-se que uma variação no ganho dessa magnitude é pequena, o que demonstra a eficiência da seleção massal. Os motivos desta eficiência foram, principalmente, as altas estimativas de herdabilidade com plantas individuais.

Comparativamente aos valores da literatura, observou-se que as estimativas de RS_m e RS_{sm} foram bastante superiores aos relatados por Chang & Milligan, 1992b. Trabalhando com uma taxa de seleção de 0,10, esses autores encontraram respostas à seleção massal de 2,8% para Brix, 1,2% para o diâmetro, 1,6% para a altura, 4,9% para o número de perfilhos e 5,3% para TCH. Os mesmos autores, trabalhando com a mesma população, porém realizando a seleção sequencial tradicional com taxa 0,50 entre e 0,20 dentro, observaram respostas de 5,6% para Brix, 3,5% para o diâmetro, 5,4% para a altura, 11,8% para o número de perfilhos e 15,4% para TCH.

Um fator de importância a ser considerado nessa comparação de respostas à seleção diz respeito à constituição genética das populações selecionadas. É de se esperar que elas não sejam exatamente as mesmas, uma vez que o número de famílias e o número de "seedlings" selecionados em cada família serão diferentes. Portanto, as considerações a seguir servem apenas para evidenciar o montante que uma diferença no ganho com a seleção de 1,24% a mais na etapa inicial, o que a princípio parece ser desprezível, pode representar em um programa de melhoramento. Para tanto consideraram-se dois aspectos: **(a)** o quanto a população inicial deveria ser maior, para que a seleção massal gerasse uma população selecionada, com a mesma média da obtida com a seleção sequencial modificada e; **(b)** partindo-se da mesma população inicial e considerando-se os mesmos procedimentos de seleção a partir da etapa II, estimou-se a quantidade esperada de clones selecionados no final do processo seletivo, variando-se apenas o método de seleção na etapa I, conforme apresentado na **Tabela 1**.

Na análise da situação **(a)**, teve-se que para o caráter TBH, na localidade de Piracicaba, visando manter um ganho de 48,25% com a seleção, seria necessário que a taxa da seleção massal diminuísse de 0,1500 para 0,1384.

Consequentemente, para se manter a mesma população selecionada na etapa II, far-se-ia necessário um aumento de 8,4% na população de “seedlings”. Considerando a população da **Tabela 1**, esse aumento implicaria em passar de 300 para 325 mil “seedlings” a população na etapa I.

Tabela 28. Etapas de seleção em cana-de-açúcar, com destaque para o tamanho da população, a resposta à seleção (RS%) e a média do caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), no comparativo de dois métodos de seleção aplicados na etapa I: seleção massal e seleção sequencial modificada.

Etapa	Seleção Massal			S. Seqüencial Modificada		
	População	RS%	Média	População	RS%	Média
I	300000	47,01	13,94	300000	47,01	13,94
II	45000	21,30	20,49	45000	21,30	20,67
III	5400	15,60	24,86	5400	15,60	25,07
IV	700	13,80	28,74	700	13,80	28,98
V	105	7,80	32,70	105	7,80	32,98
VI	17	7,50	35,25	17	6,60	35,55
Final	2,0		37,90	2,5		37,90

Na análise da situação **(b)**, considerando a seleção massal na etapa I, obteve-se a probabilidade teórica de liberação, ao final da etapa VI, de dois clones com média 2,7 vezes mais altas em TBH que a da população inicial (37,90 TBH, se considerado o ambiente de Piracicaba). Quando considerada a seleção sequencial, com uma variação de apenas 1,24% a mais de resposta à TBH na etapa I, teve-se ao final da etapa VI, a probabilidade de liberação de 2,5 clones. Verificou-se, assim, que um acréscimo de apenas 1,24% na resposta à seleção na etapa I implica em aumentar em 25% a probabilidade de obtenção de clones superiores no final do processo seletivo, mantendo-se constantes os tamanhos populacionais e os processos seletivos a partir da etapa II (**Tabela 28**). Evidentemente, deve-se destacar que os valores médios apresentados nessa comparação consideraram apenas o caráter TBH sob seleção. Como, na prática, outras variáveis estão

atuantes, as quantidades finais de TBH, conseqüentemente, serão inferiores aos valores apresentados.

Para que a seleção sequencial possa ser aplicada é necessário que os indivíduos sejam plantados agrupados em famílias, conforme delineamentos experimentais para a obtenção do valor médio da progênie. Em cana-de-açúcar, deve-se esperar o estágio de cana soca para realizar a seleção entre plantas dentro das famílias. Estas complicações, evidentemente, elevam o custo, reduzindo os benefícios com a tendência de superioridade teórica da seleção sequencial modificada em relação à massal. No entanto, dado o aparente impacto do benefício deste tipo de seleção no programa de melhoramento, como observado nos parágrafos anteriores, o saldo deve ser favorável à seleção sequencial modificada.

A seleção realizada através de índices, como era de se esperar, apresentou respostas superiores às estimativas esperadas com a seleção sequencial modificada (**Tabela 27**), embora em pequena magnitude. Observou-se, também, que as respostas esperadas foram semelhantes com os dois índices utilizados em ambas as localidades. Particularmente, nessa comparação entre RS_i e RS_{sm} obtiveram-se valores próximos para os caracteres altura, Brix, diâmetro e número de perfilhos, com diferenças inferiores a 0,5% e mais distantes para TCH e TBH, com diferenças próximas a 1,0%. Esta semelhança entre os ganhos esperados com a seleção sequencial e a combinada é importante, pois evidencia que a metodologia proposta para a seleção sequencial se aproxima da condição teórica de máximo ganho, que considera na sua estimativa todas as informações genéticas e fenotípicas disponíveis sobre o caráter.

A paridade entre o método sequencial tradicional com o sequencial modificado, conforme modelo australiano, e o proposto nesta pesquisa (descritos como A, B e C na **Figura 5**), também relativos à seleção massal, podem ser observados na **Tabela 29**. Como existem muitas combinações para as taxas de seleção entre e dentro de famílias, que resultam na mesma taxa final, foi apresentada a combinação correspondente ao maior ganho com a seleção, o que implicou, necessariamente, em combinações entre e dentro específicas para cada caráter.

Observou-se que, para todos os caracteres, a resposta à seleção massal é superior à resposta à seleção sequencial quando esta é realizada de acordo com o método tradicional (RS_{st}) e, também, conforme modelo australiano (RS_{sa}). Esta superioridade de RS_m em relação a RS_{st} e RS_{sa} pode ser atribuída à alta proporção da variância genética entre plantas dentro de famílias em relação à variância genética total, como já destacado anteriormente (**Tabela 24**).

Tabela 29. Progresso esperado com a seleção sequencial conforme o modelo tradicional (RS_{st}), o utilizado na Austrália (RS_{sa}) e o proposto neste trabalho (RS_{sm}), em valores percentuais e a diferença em relação à resposta à seleção massal (RS_m), com uma taxa total de 0,15; cana-de-açúcar, Piracicaba, 1993.

Ganhos por método	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*	%	Δ^*
RS_m	17,50	0,00	11,24	0,00	19,59	0,00	48,51	0,00	44,53	0,00	47,01	0,00
RS_{st}^{**}	12,75	-4,75	10,57	-0,67	18,59	-1,00	45,39	-3,12	42,01	-2,52	44,29	-2,72
RS_{sa}	12,61	-4,89	11,22	-0,02	18,11	-1,48	45,15	-3,36	40,84	-3,69	42,67	-4,34
RS_{sm}	18,15	0,65	11,54	0,30	20,19	0,60	49,98	1,47	45,87	1,34	48,25	1,24

* Δ - corresponde à diferença no ganho, em relação à média do caráter, sobre o método da Seleção Massal; ** Combinação de 0,636 entre e 0,236 dentro para a altura, 0,333 e 0,450 para o Brix, 0,788 e 0,190 para o diâmetro, 0,879 e 0,171 para o perfilho, 0,727 e 0,206 para a TCH e 0,848 e 0,177 para a TBH.

Com relação à resposta à seleção conforme modelo sequencial australiano (RS_{sa}), verificou-se que a mesma também foi menor que a resposta com a seleção massal, com a redução nos ganhos variando de 0,02% para o caráter Brix a 4,89% para a altura, ficando a TBH com uma redução de 4,34%. Essa redução no ganho só vem reforçar o fato de que metodologias alternativas de seleção, embora pareçam fazer melhorias lógicas, devem ser testadas antes de serem implementadas. Este método de seleção, que resultou em aumento da resposta esperada à seleção na Austrália, nas condições deste experimento, foi ineficiente.

Figura 7 - Taxas de seleção dentro de família conforme método de seleção sequencial modificado para uma taxa final de seleção de 0,15. Caracteres avaliados: altura, diâmetro, Brix, número de perfilhos, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

A resposta esperada com uma seleção sequencial só é maior que a esperada com a seleção massal quando se adota o método modificado proposto

neste trabalho. Comparativamente ao modelo de seleção adotado pelos australianos, os ganhos foram de 0,32% (Brix) a 5,58% (TCH) superiores, em relação à média do caráter. A vantagem teórica deste método é que, além de se estabelecer uma taxa de seleção para cada família, esta é identificada de forma a maximizar o ganho global de seleção.

Para uma taxa de seleção de 0,15 e com os ganhos apresentados na **Tabela 29**, a **Figura 7** apresenta as retas com as combinações entre a classificação da família e a sua respectiva taxa de seleção. É interessante observar que, exceto para o caráter Brix, que apresentou alta proporção da variância genética entre famílias em relação à variância genética total, todos os demais caracteres apresentaram uma taxa de seleção entre “seedlings” dentro da família de melhor classificação inferior a 0,50. Também, e com exceção de Brix, apenas 30% das famílias pior classificadas não proporcionaram seleção dentro delas. As equações apresentadas na **Figura 7** devem ser utilizadas para estabelecer a taxa de seleção dentro da família, após sua classificação em relação ao total de famílias, considerando as estimativas genéticas e fenotípicas do experimento (a) e uma taxa final de seleção de 0,15.

4.3.2 Seleção indireta

Considerando que a avaliação visual entre plantas é parte integrante do processo de seleção nos programas de melhoramento, existe a necessidade de recalcular as respostas à seleção apresentadas no item anterior, substituindo nas equações de resposta esperada com a seleção massal (RS_m) e com a seleção sequencial (RS_s) os componentes devidos à seleção indireta.

Nesta etapa, a resposta esperada com a seleção combinada através de índices não será considerada, dada a dificuldade da sua aplicação em condições práticas. Também, a fim de facilitar as comparações, serão considerados apenas dois caracteres, a saber: TCH e TBH, sendo a TCH diretamente correlacionada com a avaliação visual e a TBH correlacionada com a avaliação visual após determinação do Brix.

Para melhor entendimento e visualização dos resultados, a correlação genética (r_G) entre a avaliação visual e a TCH e entre a avaliação visual e a TBH foram apresentadas com variação de 0,2 a 1,0, em intervalos de 0,1 e calculadas apenas para a localidade de Piracicaba. Isto porque, da análise da **Tabela 27**, observou-se que as estimativas de resposta esperada à seleção mostraram-se semelhantes nos dois locais avaliados. As respostas esperadas com a avaliação visual para TCH e TBH, em diferentes níveis de r_G estão apresentadas nas **Tabelas 30 e 31**, respectivamente.

Tabela 30. Resposta esperada à seleção massal (RS_m), sequencial tradicional (RS_{st}), sequencial australiana (RS_{sa}) e sequencial modificada (RS_{sm}), utilizando a avaliação visual do caráter toneladas de cana por hectare (TCH), em valores percentuais relativos à média, em diferentes níveis de correlação genética (r_G); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

Resposta à seleção	Correlação Genética (r_G)								
	0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	0,9	1,0
RS_m	8,91	13,36	17,81	22,26	26,72	31,17	35,62	40,07	44,53
RS_{st}	16,93	18,30	20,94	24,20	27,50	31,04	34,70	38,35	42,01
RS_{sa}	15,61	18,76	21,92	25,07	28,23	31,38	34,54	37,69	40,84
RS_{sm}	17,81	20,54	23,67	27,03	30,58	34,26	38,05	41,93	45,87

assumindo que: $h_x \approx h_y$.

Conforme os resultados apresentados nas **Tabelas 30 e 31** observou-se que à medida que a correlação genética diminui, a resposta à seleção também reduz, o que ocorre de forma mais acentuada na seleção massal. Considerando a seleção indireta para TCH com r_G de 0,2, a redução na resposta foi de 35,62% em comparação com a seleção direta ($r_G = 1,0$) com o método massal, enquanto que na seleção sequencial modificada esta foi de 28,06%. Assim, a diferença de resposta entre a seleção sequencial modificada e a seleção massal, que inicialmente era de

1,34%, passou para 8,90%, aumentando, portanto, em 6,6 vezes. Resultados semelhantes foram observados para TBH, nos quais a redução no ganho foi 37,61% para a seleção massal e 29,98% para a seleção sequencial modificada.

Tabela 31. Resposta esperada à seleção massal (RS_m), sequencial tradicional (RS_{st}), sequencial australiana (RS_{sa}) e sequencial modificada (RS_{sm}), utilizando a avaliação visual para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), em valores percentuais relativos à média, em diferentes níveis de correlação genética (r_G); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

Resposta à seleção	Correlação Genética (r_G)								
	0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	0,9	1,0
RS_m	9,40	14,10	18,80	23,50	28,20	32,90	37,60	42,31	47,01
RS_{st}	16,35	19,03	22,00	25,34	28,84	32,50	36,22	40,19	44,29
RS_{sa}	15,99	19,32	22,66	26,00	29,33	32,67	36,00	39,34	42,67
RS_{sm}	18,27	21,20	24,38	28,16	31,95	35,88	39,93	44,06	48,25

assumindo que: $h_X \approx h_Y$

Como observado, a correlação genética entre a avaliação visual e o caráter principal tem efeito maior sobre a resposta à seleção massal. Isto porque a avaliação visual é realizada entre plantas que são a base da seleção massal. Na seleção sequencial, como existem dois níveis, um entre famílias que é direto e independente da avaliação visual e outro entre plantas dentro de famílias, na qual a avaliação visual atua, esta correlação genética tem efeito menor.

A resposta à seleção sequencial pelo método tradicional, que havia apresentado ganhos inferiores à massal, quando realizada de forma direta, passou a ser superior na seleção indireta, sempre que os valores de correlação genética tornaram-se inferiores a 0,70. Deve-se lembrar que, para cada valor de r_G , existe uma combinação de taxas de seleção entre e dentro de famílias que maximizam o ganho com a seleção. Estas combinações estão apresentadas na **Tabela 32** e

mostram que a taxa de seleção entre famílias diminui à medida que os valores de r_G também diminuem.

Tabela 32. Taxas de seleção entre e dentro de famílias para a seleção indireta dos caracteres toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), conforme método da seleção sequencial tradicional, em diferentes níveis da correlação genética (r_G)⁹; cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

Caracteres	Taxa de Seleção	Correlação Genética (r_G)								
		0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	0,9	1,0
TCH	entre	0,212	0,242	0,545	0,576	0,576	0,727	0,727	0,727	0,727
	dentro	0,707	0,619	0,275	0,261	0,261	0,206	0,206	0,206	0,206
TBH	entre	0,364	0,394	0,515	0,545	0,636	0,636	0,727	0,848	0,848
	dentro	0,413	0,381	0,291	0,275	0,236	0,236	0,206	0,177	0,177

A **Figura 8** apresenta as respostas relativas à seleção indireta, presentes nas **Tabelas 30 e 31**, colocando como ponto de referência a resposta à seleção massal, na condição de seleção direta ($r_G = 1,0$). Observando a linha da diferença das respostas à seleção entre os métodos massal e sequencial modificado, nota-se que os valores aumentam na medida em que piora a correlação genética entre o critério utilizado para a seleção indireta e o caráter principal. Na condição de $r_G = 0,2$ tem-se que a resposta esperada com a seleção sequencial modificada é o dobro da resposta esperada com a seleção massal. No entanto, este valor é apenas 40% do esperado com a seleção massal quando esta é praticada de forma direta. Estes comparativos servem para destacar que pequenas variações nos valores da correlação genética (r_G) são suficientes para provocar grandes variações nas respostas esperadas à seleção e, como discutido anteriormente, são mais

⁹ As respostas esperadas com a seleção (RS_{st}) estão apresentadas nas **Tabelas 30 e 31**.

pronunciadas na seleção massal e menos no método sequencial tradicional e em suas variantes.

Figura 8 - Resposta à seleção massal (RS_m) e à seleção sequencial modificada (RS_{sm}) expressa em valores relativos a RS_m com seleção direta ($r_G = 1,0$), para os caracteres toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) em diferentes níveis de correlação genética (r_G); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

Portanto, o conhecimento exato da correlação genética (r_G) entre a avaliação visual e o caráter principal, quer seja a TCH ou a TBH, é de extrema importância nas estimativas do progresso esperado com a seleção e na comparação dos métodos. Além disso, é fundamental ter bom r_G para que a avaliação visual funcione na prática, isto é, a avaliação visual deve ser realizada por pessoal qualificado.

Por outro lado, os valores de r_G devem ser bastante variáveis, uma vez que sofrem influência de diversos fatores ambientais e, além destes, da

subjetividade do selecionador. Jackson et al. (1995), fazendo simulações de ganhos com a seleção massal, em comparação com a seleção sequencial tradicional, utilizaram valores de r_G variando entre 0,4 e 0,8, e comentaram que era pouco provável a ocorrência de valores acima de 0,8 e que a situação inversa ($r_G < 0,4$) poderia ocorrer. Hogarth & Skinner (1967) encontraram uma correlação genética de 0,8 entre o critério utilizado para a avaliação visual e a produção de açúcar. Wu & Tew (1989) encontraram valores de 0,38 e 0,31 para a correlação genética entre a avaliação visual e a produção de açúcar (TAH) e com a produção de cana (TCH), respectivamente.

Avaliando uma população de 560 “seedlings”, obtidos de sete cruzamentos, Bressiani et al. (2001)¹⁰ obtiveram uma correlação genética de -0,72 entre o critério de avaliação visual e a TCH. Os autores utilizaram uma escala de notas, com variação de 1 a 9, sendo 1 bom e 9 ruim, para a realização da avaliação visual, levando-se em conta não só TCH, como outros caracteres associados. Quando a avaliação visual foi realizada diretamente para o caráter principal, no caso a TCH, a estimativa de r_G foi de -0,91. Observou-se que estes valores de r_G são superiores aos citados por Jackson et al. (1995) e por Wu & Tew (1989) e semelhantes aos relatados por Hogarth & Skinner (1967).

Considerando uma correlação genética de 0,7 entre a avaliação visual e a TCH, e assumindo que $h_x \approx h_y$, observou-se pela análise da **Tabela 30** que a resposta esperada com a seleção massal foi de 31,17%, enquanto que a resposta esperada com a seleção sequencial modificada foi de 34,26%. O ganho adicional com a substituição da seleção massal pela sequencial modificada, que era de 1,34% com a seleção direta, passou para 3,09% para a TCH.

¹⁰ Bressiani, J.A.; Vencovsky, R.; Burnquist, W.L. (Centro de Tecnologia Copersucar, Piracicaba, SP). Estimativa da correlação genética entre o critério utilizado para a avaliação visual e o caráter principal na seleção de “seedlings” em cana-de-açúcar (em elaboração).

A diferença de 3,09% no ganho de seleção na etapa I, é suficiente para elevar de 2,0 para 3,7 o número esperado de clones superiores no final do processo seletivo, mantidos os mesmos tamanhos populacionais. Da mesma forma, mantido o método massal, seria necessário um aumento de 33% na população na etapa I, com redução de 0,15 para 0,11 na taxa de seleção, para se obter uma população selecionada de média igual à obtida com o método sequencial modificado (**Figura 9**).

Deve-se destacar que o valor de 0,70 para r_G entre a avaliação visual e a produção (TCH) refere-se a uma estimativa obtida na mesma etapa de seleção. É de se esperar que este valor seja menor se considerada a correlação genética entre a avaliação visual na etapa I e a produção realizada na etapa II. Uma estimativa semelhante foi obtida no experimento (b), entre as etapas II e III (ensaios 2 e 3). Os resultados levaram a um valor de r_G igual a 0,46. Com esta correlação menor, consequentemente, o impacto da mudança no método de seleção na etapa I é ainda mais pronunciado. Arredondando para a condição de r_G igual a 0,5 tem-se que o número esperado de clones selecionados, ao final do processo seletivo, mantendo-se constante os tamanhos populacionais e alterando apenas o método de seleção na etapa I, passaria de dois para cinco, portanto, 2,5 vezes maior. Já a população de “seedlings” na etapa inicial necessitaria ser aumentada em 100% para que a taxa de seleção massal pudesse ser reduzida de 0,15 para 0,075 a fim de originar uma população selecionada de igual média e tamanho que a obtida com o método sequencial modificado (**Figura 9**).

Generalizando, as consequências da substituição do método de seleção massal pelo sequencial modificado, num programa de melhoramento, sob diferentes níveis de correlação genética entre a avaliação visual e a produção, no caso a TCH, pode ser observado na **Figura 9**. Nela, são apresentados: (A) a diferença de resposta à seleção entre estes dois métodos; (B) quanto a população da etapa I necessita ser aumentada, em valores percentuais, para originar uma população na etapa II semelhante à obtida com o método sequencial modificado, mantendo-se o método massal na seleção; e (C) o adicional esperado na frequência de clones na etapa final, mantendo-se os mesmos tamanhos populacionais apresentados na

Tabela 1, apenas alterando o método massal de seleção na etapa I pelo sequencial modificado.

Figura 9 - Acréscimo de resposta esperada à seleção (A), variação de tamanho na população da etapa I (B) e número de clones na etapa final do processo seletivo (C), na comparação entre os métodos de seleção massal e sequencial modificado, sob diferentes níveis de correlação genética entre a avaliação visual e a produtividade em toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1993.

Estabelecendo o intervalo de 0,5 a 0,7 como os valores mais prováveis da correlação genética entre a avaliação visual e o caráter principal (no caso TCH), tem-se que o ganho adicional com a seleção sequencial modificada sobre a seleção massal fica entre 3% a 5%, em relação à média da população original. Já o efeito

dessa diferença num programa de melhoramento equivale a aumentar de 36% a 100% a população inicial de “seedlings”, para que a seleção pelo método massal promova uma população selecionada de igual tamanho e média que a esperada com a seleção pelo método sequencial modificado. Alternativamente, caso fossem mantidos os mesmos tamanhos populacionais apresentados na **Tabela 1**, o número provável de clones no final do processo seletivo seria aumentado entre 85% e 150% apenas com a substituição do método de seleção massal pelo sequencial modificado na etapa inicial.

Esses valores comparativos servem para reforçar, mais uma vez, o efeito que um ganho adicional de seleção deverá ter no contexto de um programa de melhoramento. Esse efeito pode ser considerado bastante expressivo.

Assim sendo, a determinação criteriosa da associação entre a avaliação visual e o caráter principal, quer seja TCH ou TBH, é de extrema importância, pois será esta correlação que realmente irá pesar na escolha do método de seleção a ser empregado, quer seja o método massal (mais favorável quando a correlação genética tender a um), quer seja o método sequencial modificado (mais favorável quando esta correlação tender a zero). Evidentemente, é sobretudo importante ter pessoal capacitado e gabaritado para garantir bom r_G .

4.4 Resposta esperada vs. resposta realizada com o emprego da seleção sequencial modificada (RS_{sm})

Como já apresentado no capítulo referente a material e métodos, as informações do experimento (b), ensaios 1, 2 e 3 (**Figura 4**), foram utilizadas para o comparativo entre as respostas esperada e observada (realizada) à seleção sequencial modificada.

A **Tabela 33** apresenta a análise de variância do Ensaio 1, da onde foram obtidas as estimativas relacionadas a seguir. Os números entre parênteses referem-se ao coeficiente de variação da estimativa.

$\hat{\sigma}_f^2 = 44,3633$ (11,5%), é a variância genética entre famílias;

$\hat{\sigma}^2 = 16,7924$ (7,0%), é a variância do erro experimental;

$\hat{\sigma}_F^2 = 49,9607$ (12,2%), é a variância fenotípica ao nível de médias de famílias;

$\hat{h}_m^2 = 0,888$, é a herdabilidade ao nível de médias de famílias.

Tabela 33. Quadrados médios da análise de variância do Ensaio 1, experimento (b), para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1994.

Fontes de Variação	G. L.	Q.M.
Blocos	2	5,4116
Famílias	39	149,8822 **
Erro	78	16,7924

** $p < 0,01$; média das famílias = 58,14; coeficiente de variação do erro experimental (CV_e) = 7,0%.

Adotando-se a proporção $\hat{\sigma}_f^2 : \hat{\sigma}_{gw}^2$ e, também, h_d^2 do experimento (a), obteve-se ainda:

$\hat{\sigma}_{gw}^2 = 399,2695$ (34,4%), é a variância genética entre plantas dentro de famílias;

$\hat{\sigma}_w^2 = 831,8114$ (49,6%), é a variância fenotípica entre plantas dentro de famílias;

$\hat{\sigma}_{ew}^2 = 432,5419$ (35,8%), é a variância ambiental entre plantas dentro de famílias.

Comparativamente ao experimento (a), observou-se que o CV de $\hat{\sigma}_f^2$ foi ligeiramente inferior (11,5%, contra 12,7% do experimento (a)). Consequentemente, as estimativas genéticas, ambientais e fenotípicas entre plantas, dentro de parcelas $\hat{\sigma}_{gw}^2$, $\hat{\sigma}_{ew}^2$ e $\hat{\sigma}_w^2$, obtidas a partir da proporção $\hat{\sigma}_f^2 : \hat{\sigma}_{gw}^2$ ficaram reduzidas (34,4%, 35,8% e 49,6%, respectivamente, contra 38,2%, 39,7% e 55,1%, do experimento (a)). Já a estimativa h_m^2 apresentou valor superior (0,888 contra 0,783 do experimento (a)). Essas diferenças entre os valores das estimativas nos experimentos (a) e (b) reforçam a problemática em se assumir valores e proporções

entre ensaios diferentes. Embora a localidade, as condições de plantio e os procedimentos para as avaliações fossem as mesmas, os cruzamentos e o ano agrícola foram diferentes. Muito provavelmente, se fossem obtidas as estimativas entre plantas dentro de parcelas, também seus valores seriam diferentes.

Tabela 34. Valores médios de toneladas de cana por hectare (TCH) com o respectivo diferencial de seleção de cada família no Ensaio 1, experimento (b); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1994.

Família	Média	ds	Família	Média	ds
1	57,84	-0,30	21	52,71	-5,43
2	62,80	4,66	22	51,99	-6,15
3	61,70	3,56	23	61,81	3,67
4	47,92	-10,22	24	42,36	-15,78
5	60,62	2,48	25	65,41	7,27
6	62,30	4,16	26	61,01	2,87
7	60,82	2,68	27	59,32	1,18
8	50,22	-7,91	28	52,38	-5,76
9	50,69	-7,45	29	54,96	-3,18
10	55,36	-2,78	30	50,79	-7,35
11	68,32	10,18	31	54,99	-3,15
12	61,11	2,97	32	49,90	-8,24
13	65,24	7,10	33	58,53	0,39
14	57,60	-0,54	34	67,66	9,52
15	70,44	12,30	35	60,92	2,78
16	61,81	3,67	36	71,55	13,41
17	43,06	-15,08	37	67,26	9,12
18	55,73	-2,41	38	58,43	0,29
19	65,58	7,44	39	50,69	-7,45
20	51,90	-6,24	40	61,82	3,68

Média das famílias = 58,14; amplitude = 29,19 (50,2%).

Para serem utilizadas, as informações dos ensaios em condições práticas devem, antes de adotadas, ser confirmadas com mais avaliações. Elas só poderão ser utilizadas caso apresentem uma certa constância em seus valores, nas diferentes avaliações. Como, em cana-de-açúcar, a população utilizada nos cruzamentos apresenta variação entre os anos, é conveniente que os parâmetros

genéticos e fenotípicos, utilizados nos cálculos da resposta esperada à seleção, sejam estimados a cada ano.

Com uma variação genética menor entre famílias, os diferenciais de seleção também ficaram reduzidos. A **Tabela 34** apresenta esses valores, que foram utilizados no cálculo da equação da resposta esperada à seleção sequencial modificada, como descrito no **Item 3.3.1.2.5**. A amplitude de variação entre as famílias extremas em TCH foi de 29,19 (50,2% da média das famílias). No experimento (a) essa amplitude havia sido de 50,44 (64,1% da média das famílias).

Os Ensaios 2 e 3, têm as análises de variância apresentadas nas **Tabelas 35** e **36**. Nelas são observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) para blocos, padrões, clones e, inclusive, para o contraste entre clones e padrões. O coeficiente de variação do erro experimental (CV_e) foi baixo no Ensaio 2 e alto no 3, como era de se esperar em avaliações desse tipo, em que tem-se apenas uma repetição e um volume grande de clones sendo avaliados.

Tabela 35. Quadrados médios da análise de variância do Ensaio 2, experimento (b), para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Piracicaba, 1995.

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	
Bloco	7	8367,3966	**
Genótipos ajustados	1400	738,3396	**
Padrões	2	5424,7654	**
Clones + (Padrões vs Genótipos)	1398	731,6351	**
Erro	14	100,8540	
Total	1421		
Genótipos	1400	779,3682	**
Padrões	2	5424,7654	**
Clones	1397	775,8163	**
Padrões vs. Clones	1	19580,6474	**
Bloco ajustado	7	161,6788	
Erro	14	100,8540	

** $p < 0,01$; média padrões = 116,71; média de clones = 87,90; coeficiente de variação do erro experimental (CV_e) = 11,4%.

A **Tabela 37** apresenta os valores médios de TCH do primeiro corte do Ensaio 3, com os clones agrupados conforme classificação da família e da avaliação visual entre plantas dentro de cada família, realizada no Ensaio 1. Da sua análise, observou-se uma tendência, já esperada, de as famílias de melhor classificação no Ensaio 1 apresentarem, para os indivíduos selecionados, os valores mais altos de TCH, quando comparados com seus equivalentes nas famílias de pior classificação (78,49 TCH para as duas primeiras vs. 48,37 TCH para as duas últimas). O mesmo ocorreu com a seleção entre plantas dentro de famílias, com as melhores médias de TCH nos indivíduos selecionados na classe 0,05, que compreende os cinco primeiros "seedlings" de cada família, e as piores na classe 0,40, que compreende o intervalo entre o 31º e o 40º "seedling" selecionado em cada família.

Tabela 36. Quadrados médios da análise de variância do Ensaio 3, experimento (b), corte 1, para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH); cana-de-açúcar; Itacemápolis, 1996.

Fontes de Variação	G. L.	Q.M.	
Bloco	41	2449,6353	**
Genótipos ajustados	1136	462,2991	**
Padrões	2	14657,2272	**
Clones + (Padrões vs Genótipos)	1134	437,2639	**
Erro	82	148,5133	
Total	1259		
Genótipos	1136	538,7658	**
Padrões	2	14657,2272	**
Clones	1133	476,8847	**
Padrões vs. Clones	1	42413,0842	**
Bloco ajustado	41	330,9473	**
Erro	82	148,5133	

** $p < 0,01$; média padrões = 89,08; média de clones = 69,74; coeficiente de variação do erro experimental (CV_e) = 17,5%.

No entanto esta tendência, tanto entre quanto dentro de famílias, apresentou exceções. Por exemplo, os indivíduos selecionados nas famílias classificadas em 5º e 6º lugar, tiveram média com 7,37 TCH acima da média das duas famílias melhor classificadas. A avaliação visual realizada entre plantas dentro

de famílias teve, por exemplo, o caso das classes 0,05 e 0,40 nas famílias de classificação 0,95, na qual os "seedlings" classificados entre o 31° e o 40° tiveram 14,54 TCH (29,1%) acima da TCH dos cinco primeiros "seedlings" selecionados (64,47 TCH vs. 49,93 TCH).

Tabela 37. Valores médios de toneladas de cana por hectare (TCH), no corte 1 do Ensaio 3, em função da classificação das famílias e da classe da avaliação visual entre plantas dentro de famílias no Ensaio 1; cana-de-açúcar; Itacemópolis, 1996.

Class. da Família	Classes para a avaliação visual entre plantas dentro de famílias						
	0,05	0,10	0,15	0,20	0,30	0,40	Média
0,05	97,08	76,02	80,77	82,02	77,31	68,27	78,49
0,10	86,23	100,68	84,81	69,34	74,18	81,23	80,58
0,15	88,35	86,36	93,69	89,97	80,96	83,81	85,88
0,20	80,23	84,61	84,58	83,05	65,58	77,96	78,14
0,25	83,55	81,60	82,73	71,95	73,30	65,74	74,55
0,30	80,99	81,54	91,02	74,47	77,71	66,09	76,38
0,35	90,58	85,14	65,73	62,97	68,53	67,41	72,27
0,40	80,35	75,93	64,19	84,97	72,59	63,71	72,58
0,45	86,72	84,74	69,87	73,69	67,32	75,71	75,88
0,50	70,16	68,41	70,37	63,93	64,27	68,35	67,49
0,55	75,27	69,24	72,50	67,52	59,83	61,77	66,07
0,60	76,72	82,56	75,74	72,66	73,60	67,67	74,36
0,65	66,59	78,28	57,99	69,48	71,14	60,76	67,55
0,70	83,46	77,48	67,58	72,71	65,05	60,82	69,42
0,75	91,28	65,17	65,87	57,32	66,61	46,23	61,83
0,80	66,90	60,69	59,74	54,74	45,63	49,77	55,49
0,85	76,86	77,78	62,22	59,33	53,14	48,78	61,29
0,90	62,72	66,00	65,48	53,97	63,34	51,61	58,68
0,95	49,93	53,61	46,67	62,33	54,25	64,47	55,93
1,00	44,94	52,67	54,60	47,70	48,03	44,56	48,37
Média	77,21	75,68	71,93	69,29	67,01	64,64	69,74

O valor das classes para a avaliação visual dentro das famílias indica a taxa de seleção do limite superior do intervalo. O mesmo é válido para a classificação das famílias.

A **Figura 10** apresenta a distribuição gráfica da regressão linear múltipla entre o valor médio do TCH observado no Corte 1, do Ensaio 3, e as combinações de classes de seleção entre e dentro de famílias. A equação da regressão linear obtida foi:

$$TCH = -31.1485.E - 38.4177.D - 94.3258$$

em que *TCH* corresponde ao valor realizado para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH), em função da variação da classificação da família e da quantidade de "seedlings" selecionados no seu interior. Esta regressão foi altamente significativa ($p < 0,01$), com um coeficiente de determinação (R^2) de 0,666. O valor de R^2 observado pode ser considerado suficiente. O coeficiente de variação do erro experimental de 17,5%, que é considerado satisfatório para um ensaio em blocos de Federer, poderia ser inferior a 10%, caso esse ensaio fosse plantado com repetições. Além da falta de repetições, não podem ser esquecidas, também, que tanto a seleção entre famílias quanto a avaliação visual realizada no Ensaio 1, tiveram erros experimentais associados, inclusive de ano agrícola, que atuaram no sentido de reduzir os valores de R^2 .

Após a obtenção da expressão da resposta realizada à seleção, em função da classificação da família e da taxa de seleção em seu interior, o passo seguinte foi estabelecer uma correspondência entre os valores de TCH esperados e os realizados, com a seleção praticada conforme o método sequencial modificado. Para uma taxa global de 0,15, verificou-se que o progresso realizado para o caráter TCH foi igual ao progresso esperado, quando o valor da correlação genética (r_G), entre o critério utilizado para a avaliação visual entre plantas dentro de parcelas e a TCH, foi de 0,62. Nesta condição a resposta à seleção sequencial modificada foi de 28,97%, ou 16,80 TCH.

Essa igualdade entre as respostas à seleção observada e esperada, na condição de r_G igual a 0,62, enquadra-se ao intervalo estabelecido na discussão da resposta à seleção indireta e está próxima aos valores reportados por Bressiani et al. (2001).

Figura 10 - Regressão entre os valores médios do caráter toneladas de cana por hectare observados (TCH observado) no Corte 1 do Ensaio 3 e seus correspondentes (TCH regressão), estimados pela regressão linear múltipla relacionando o TCH (variável dependente) com as classes de seleção entre e dentro de famílias praticadas no Ensaio 1 (variáveis independentes); cana-de-açúcar; Iracemápolis, 1996.

Um vez que o valor do TCH observado pôde ser expresso em função da classificação das famílias e da sua respectiva taxa de seleção dentro, adotou-se o mesmo procedimento utilizado para a resposta esperada à seleção na determinação da taxa de seleção dentro de cada família, visando maximizar a resposta. A **Figura 11** apresenta essa comparação. Nela, observa-se que as taxas de seleção dentro das famílias não foram correspondentes. Com uma taxa final de 0,15, as combinações entre e dentro de famílias calculadas pela equação de resposta esperada à seleção foram diferentes das combinações obtidas com a equação de resposta realizada à seleção, pelo método sequencial modificado.

Como observado, a reta de ganho realizado foi coincidente com o ganho esperado quando a correlação genética foi de 0,90.

Embora o ganho realizado tenha mostrado coerência com o ganho esperado, as equações determinantes das taxas da seleção dentro das famílias não se sobrepueram. A ausência das estimativas da variância genética e ambiental entre plantas dentro de parcelas, pode ter sido a causa principal desta não sobreposição.

Figura 11 - Taxas de seleção dentro de famílias conforme método de seleção sequencial modificado, para uma taxa final igual a 0,15, considerando a seleção para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH), na condição de resposta esperada, em três situações de correlação genética e de resposta realizada à seleção; cana-de-açúcar; Iracemápolis, 1996.

A utilização de valores para a proporção entre $\hat{\sigma}_f^2 : \hat{\sigma}_{ew}^2$ e para a estimativa de h_d^2 previamente estabelecidos de outros experimentos, juntamente com a avaliação das médias de famílias obtidas na cana planta, na obtenção da

equação que irá determinar as taxas de seleção entre plantas dentro dessas famílias na cana soca deve, a princípio, ser melhor investigada. Como as populações de cruzamentos de cana-de-açúcar são bastante heterogêneas é aconselhável que a informação entre plantas dentro de parcelas também seja determinada. Somente após algumas avaliações, caso os valores encontrados apresentem alguma tendência, é que a informação dentro de parcelas poderá ser estabelecida à priori.

No entanto, a informação dentro de parcelas pode ser obtida com um ensaio pequeno, com uma amostra representativa das famílias. É necessário, também, a inclusão de clones ou cultivares nesta avaliação, a fim de fornecer a estimativa da variância ambiental entre plantas dentro de parcelas.

5 CONCLUSÕES

As análises realizadas neste trabalho permitiram obter as seguintes conclusões:

- ✓ Observou-se interação FA significativa entre as famílias e as localidades de Piracicaba e Jaú para todos os caracteres avaliados. Embora sempre inferior à variância de famílias (σ_f^2), a variância da interação FA (σ_{fa}^2) teve sua proporção relativa à σ_f^2 oscilando entre 12,3% para o diâmetro e 75,7% para a TBH. A decomposição da variância da interação FA, com base nos valores fenotípicos e genotípicos, mostrou-se complexa em quase sua totalidade, destacando a dificuldade na seleção de famílias adaptadas a ambos os locais;
- ✓ A seleção de genótipos de adaptação ampla, baseada na média dos dois locais, não pode ser totalmente descartada. Por outro lado, optando-se por uma seleção específica para os dois locais considerados, esperam-se aumentos de ganhos de 4,1% e 5,8% para TBH, em Piracicaba e Jaú, respectivamente. Mais informações serão necessárias para confirmar essa tendência, visando eventuais mudanças nas estratégias do programa de melhoramento;
- ✓ As estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas individuais foram de moderadas a altas, quer seja no ensaio como um todo (h_i^2) ou entre plantas dentro de parcelas (h_d^2). A semelhança entre h_i^2 e h_d^2 ocorreu devido à baixa magnitude do erro experimental entre parcelas dentro de blocos ($\hat{\sigma}^2$). Tais resultados refletem as boas condições experimentais e sugerem que a seleção individual não precisa ser realizada em extratos (parcelas com famílias) muito pequenos;

- ✓ As respostas esperadas com a seleção direta (sem avaliação visual) mostraram pouca vantagem da seleção sequencial modificada, proposta neste trabalho, em relação à seleção massal. Em Piracicaba e Jaú essa vantagem foi de apenas 1,2% e 1,3% de aumento de ganho, para TBH e TCH, respectivamente. Nessas mesmas condições, a seleção sequencial tradicional e a australiana foram inferiores à seleção massal, em termos de progresso esperado, para todos os caracteres. O método da seleção combinada através de índices mostrou superioridade em relação aos demais métodos, porém, com resultados próximos aos obtidos com o método sequencial modificado (1% a mais para TCH e 0,8% para TBH, em média). Ficam assim ressaltados os cuidados que se deve ter em adotar novos esquemas de seleção, inclusive aqueles desenvolvidos em outros centros de pesquisa;
- ✓ Admitindo a seleção indireta (com avaliação visual) o método sequencial modificado foi sempre superior à seleção massal, para os principais caracteres avaliados (TCH e TBH). Com os métodos australiano e tradicional essa vantagem sobre o método massal só ocorreu quando a correlação genética entre a avaliação visual e o caráter principal foi igual ou inferior a 0,7. Levando isso em consideração, e dada a dificuldade prática de utilizar índices (seleção combinada), concluiu-se que o método proposto de seleção sequencial modificada é perfeitamente viável, sendo portanto, recomendado;
- ✓ O conhecimento exato da correlação genética, entre o critério utilizado para a avaliação visual e o caráter principal, constitui fator de extrema importância na escolha do método de seleção a ser adotado, devido à grande sensibilidade que estes métodos apresentaram sob pequena variação nos valores da correlação genética;
- ✓ Considerando uma correlação genética entre o critério de avaliação visual e o caráter principal variando entre 0,5 a 0,7, a superioridade do método proposto em relação ao massal é da ordem de 3% a 5%, em termos de ganho esperado para TCH, em um ciclo de seleção. Para alcançar estes mesmos ganhos com a seleção massal, ter-se-ia que aumentar a população inicial entre 36% a 100%.

Alternativamente, mantendo os mesmos tamanhos populacionais, o número provável de clones no final do processo seletivo seria aumentado em 85% a 150%, apenas com a substituição do método de seleção massal pelo sequencial modificado na etapa inicial;

- ✓ Na comparação entre as respostas estimada e realizada com a seleção sequencial modificada, houve grande concordância dos resultados. Isso vem reforçar a confiabilidade das estimativas obtidas no trabalho, bem como assegurar as vantagens do método proposto sobre os demais, considerados nesta pesquisa.

ANEXOS

ANEXO A. COORDENADAS GEOREFERENCIAIS E HISTÓRICO DO REGIME CLIMÁTICO PARA AS LOCALIDADES DE PIRACICABA E JAÚ.

		Piracicaba					Jaú					
Altitude		580 metros					552 metros					
Latitude		22°43'00"					22°17'00"					
Longitude		47°38'00"					48°34'00"					
		Temperatura °C					Umidade Relativa				Chuva	Insolação
Local	Ano	Máxima	Mínima	Média	B. seco	B. Úmido	9 h	Máxima	Mínima	Média	(mm)	(h)
1	1990	28,9	15,2	22,1	21,1	18,8	80	96	39	68	1309	2524
1	1991	28,6	14,5	21,6	20,9	18,5	79	97	44	70	1587	2519
1	1992	28,5	15,1	21,8	21,1	18,7	79	94	45	69	1314	2264
1	1993	29,0	15,5	22,3	21,2	18,8	79	89	39	64	1458	2399
1	1994	29,9	15,2	22,6	22,0	19,1	75	92	43	68	1332	2715
1	1995	29,9	14,5	22,2	21,7	19,1	78	93	51	72	1828	2563
1	1996	29,6	14,8	22,2	21,4	18,8	77	90	47	69	1670	2508
1	1997	30,4	14,2	22,3	20,8	18,9	83	92	45	69	1312	2234
1	1998	29,1	15,7	22,4	20,7	18,5	80	96	50	73	1590	2283
1	1999	29,3	15,1	22,2	20,8	17,9	75	99	47	73	1540	2521
1	2000	29,3	15,1	22,2	21,1	18,3	76	99	50	74	1487	2322
Média		29,3	15,0	22,2	21,2	18,7	78	94	45	70	1493	2441
Máximo		30,4	15,7	22,6	22,0	19,1	83	99	51	74	1828	2715
Mínimo		28,5	14,2	21,6	20,7	17,9	75	89	39	64	1309	2234
2	1990	28,8	18,6	23,7	22,7	20,2	79	97	61	79	818	1096
2	1991	27,8	16,8	22,3	21,5	18,4	73	93	55	74	1602	2546
2	1992	27,4	16,8	22,1	21,3	18,5	76	91	53	72	1354	2454
2	1993	28,1	17,0	22,6	21,8	18,8	74	94	55	74	1553	2472
2	1994	29,3	17,2	23,3	22,3	18,7	70	93	40	66	1292	2660
2	1995	28,6	17,2	22,9	21,8	18,6	73	93	36	64	1583	2655
2	1996	28,1	16,9	22,5	21,1	18,3	76	94	33	64	1394	2709
2	1997	28,2	17,5	22,9	21,3	18,5	76	94	35	65	1739	2608
2	1998	28,2	17,1	22,7	20,9	18,8	81	96	36	66	1558	2653
2	1999	28,2	16,6	22,4	20,8	18,0	75	94	39	66	1488	2770
2	2000	28,5	17,0	22,8	21,1	18,8	80	95	46	71	1440	2527
Média		28,3	17,2	22,7	21,5	18,7	76	94	44	69	1438	2468
Máximo		29,3	18,6	23,7	22,7	20,2	81	97	61	79	1739	2770
Mínimo		27,4	16,6	22,1	20,8	18,0	70	91	33	64	818	1096

Local 1 - Piracicaba; local 2 - Jaú.

ANEXO B. ÍNDICE PARA SELEÇÃO COMBINADA (I_1), ADAPTADO DE BUENO FILHO, 1992.

A dedução deste índice para seleção combinada (I_1), adaptado de Bueno Filho, 1992, para seleção com reprodução vegetativa. Este índice desconsidera a informação genética contida na média das parcelas.

Para tanto, foram consideradas as seguintes preposições:

- espécie de propagação vegetativa;
- delineamento estatístico de blocos (completos) ao acaso, com K observações por parcela, como segue:

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

em que m corresponde à média geral, f_i mede o efeito da família i , b_j corresponde ao efeito da repetição j , e_{ij} refere-se ao erro experimental associado à repetição j na família i , e d_{ijk} é o efeito da planta k , no bloco j da família i ;

- que o efeito dentro da parcela pode ser subdividido em dois componentes, um ambiental e outro genético, ou seja,

$$\sigma_w^2 = \sigma_{gw}^2 + \sigma_{ew}^2$$

em que σ_w^2 corresponde à variância fenotípica dentro de parcelas, σ_{gw}^2 é a variância genética dentro de parcelas e σ_{ew}^2 corresponde à variância ambiental dentro de parcelas.

O índice para a seleção com base em um único caráter é dado por:

$$I_1 = c_1 (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + c_2 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$$

na qual c_1 corresponde à herdabilidade dentro de cada família $\left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right)$; c_2

corresponde à herdabilidade baseada nas médias de famílias $\left(\frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right)$ e;

$\bar{Y}_{...}$, $\bar{Y}_{i..}$, $\bar{Y}_{ij.}$ e Y_{ijk} correspondem, respectivamente, à média geral, de famílias, de parcelas e de indivíduos dentro de parcelas.

Na geração seguinte, mantidas as mesmas condições ambientais (o que significa desconsiderar as interações do tipo GxE), com reprodução vegetativa, o valor genotípico (g_{ijk}) de um indivíduo obtido a partir de um material selecionado é:

$$g_{ijk} = f_i + (gd)_{ijk}$$

em que p_i corresponde ao valor genotípico da progênie i e $(gd)_{ijk}$ corresponde ao valor genotípico da planta ijk .

A seleção baseada em I_1 (GS_i) é do tipo massal (individual) e o progresso é dado por:

$$GS_i = i \frac{COV(I, g)}{\sigma_{FI}}$$

na qual i corresponde ao diferencial de seleção estandardizado que é dado por

$i = \frac{S_i}{\sigma_{FI}}$, em que S_i é o diferencial de seleção do índice e σ_{FI} é o desvio padrão

fenotípico do índice; e $COV(I, g)$ corresponde à covariância entre o índice e o valor genotípico do indivíduo na geração seguinte.

As estimativas de $COV(I, g)$ e σ_{FI} podem ser obtidas da seguinte forma:

1. Obtenção do desvio padrão fenotípico do índice (σ_{FI}):

Considerando que $\sigma_{FI} = \sqrt{\sigma_{FI}^2}$, temos, para um modelo aleatório, que:

$$\sigma_{FI}^2 = c_1^2 \sigma^2(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + c_2^2 \sigma^2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + 2c_1 c_2 COV[(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}), (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})]$$

Desenvolvendo por parte, temos que:

$$\begin{aligned} \sigma^2(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) &= \sigma^2 \left[(f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}) - \left(f_i + b_j + e_{ij} + \frac{\sum_K d_{ijk}}{K} \right) \right] \\ &= \left(\frac{K-1}{K} \right) \sigma_w^2 \end{aligned}$$

$$\sigma^2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) = \sigma^2(\bar{Y}_{i..}) + \sigma^2(\bar{Y}_{...}) - 2COV(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{...})$$

$$\sigma^2(\bar{Y}_{i..}) = \sigma^2 \left(f_i + \frac{\sum b_j}{J} + \frac{\sum e_{ij}}{J} + \frac{\sum d_{ijk}}{JK} \right) = \sigma_f^2 + \frac{\sigma_b^2}{J} + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}$$

$$\sigma^2(\bar{Y}_{...}) = \sigma^2 \left(\frac{f_i}{I} + \frac{\sum b_j}{J} + \frac{\sum e_{ij}}{IJ} + \frac{\sum d_{ijk}}{IJK} \right) = \frac{\sigma_f^2}{I} + \frac{\sigma_b^2}{J} + \frac{\sigma^2}{IJ} + \frac{\sigma_w^2}{IJK}$$

$$\begin{aligned} COV(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{...}) &= COV \left[\left(f_i + \frac{\sum b_j}{J} + \frac{\sum e_{ij}}{J} + \frac{\sum d_{ijk}}{JK} \right), \left(\frac{f_i}{I} + \frac{\sum b_j}{J} + \frac{\sum e_{ij}}{IJ} + \frac{\sum d_{ijk}}{IJK} \right) \right] \\ &= \frac{\sigma_f^2}{I} + \frac{\sigma_b^2}{J} + \frac{\sigma^2}{IJ} + \frac{\sigma_w^2}{IJK} \end{aligned}$$

$$-2COV(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{...}) = -\frac{2\sigma_f^2}{I} - \frac{2\sigma_b^2}{J} - \frac{2\sigma^2}{IJ} - \frac{2\sigma_w^2}{IJK}$$

$$\begin{aligned}
\sigma^2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) &= \sigma_f^2 \left(1 - \frac{1}{I}\right) + \sigma^2 \left(\frac{1}{J} - \frac{1}{IJ}\right) + \sigma_w^2 \left(\frac{1}{JK} - \frac{1}{IJK}\right) \\
&= \sigma_f^2 \left(\frac{I-1}{I}\right) + \sigma^2 \left(\frac{I-1}{IJ}\right) + \sigma_w^2 \left(\frac{I-1}{IJK}\right) \\
&= \left(\frac{I-1}{I}\right) \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}\right)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&COV[(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}), (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})] = \\
&COV\left\{\left[d_{ijk} - \bar{d}_{ij.}\right], \left[(f_i - \bar{f}_{..}) + (\bar{e}_{i.} - \bar{e}_{..}) + (\bar{d}_{i..} - \bar{d}_{...})\right]\right\} = \\
&COV\left[(d_{ijk} - \bar{d}_{ij.}), (\bar{d}_{i..} - \bar{d}_{...})\right] = \\
&\frac{\sigma_w^2}{JK} - \frac{\sigma_w^2}{IJK} - COV\left(\frac{\sum_K d_{ijk}}{K}, \frac{\sum_{JK} d_{ijk}}{JK}\right) + COV\left(\frac{\sum_K d_{ijk}}{K}, \frac{\sum_{IJK} d_{ijk}}{IJK}\right) = \\
&\frac{\sigma_w^2}{JK} - \frac{\sigma_w^2}{IJK} - \frac{1}{JK} K \sigma_w^2 + \frac{1}{IJK^2} K \sigma_w^2 = \\
&\sigma_w^2 \left(\frac{1}{JK} - \frac{1}{IJK} - \frac{1}{JK} + \frac{1}{IJK}\right) = 0
\end{aligned}$$

A estimativa de σ_{FI}^2 passa a ser dada por:

$$\sigma_{FI}^2 = c_1^2 \left(\frac{K-1}{K}\right) \sigma_w^2 + c_2^2 \left(\frac{I-1}{I}\right) \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}\right) \text{ ou, então, diretamente}$$

pelos quadrados médios da análise de variância, por:

$$\sigma_{FI}^2 = c_1^2 \left(\frac{K-1}{K}\right) QD + c_2^2 \left(\frac{I-1}{I}\right) \frac{QF}{JK}$$

2. Obtenção da covariância entre o índice e o valor genotípico do indivíduo na geração seguinte ($COV(I, g)$):

$$COV(I, g) = \left\{ \left[c_1 (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + c_2 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) \right], \left[f_i + (gd)_{ijk} \right] \right\}$$

considerando apenas a parte genotípica, que é de interesse, temos:

$$\begin{aligned}
 (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) &= \left((gd)_{ijk} + \frac{\sum_K (gd)_{ijk}}{K} \right) e \\
 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) &= \left(f_i + \frac{\sum_I f_i}{I} \right) + \left(\frac{\sum_{IJ} (gd)_{ijk}}{JK} - \frac{\sum_{IJK} (gd)_{ijk}}{IJK} \right)
 \end{aligned}$$

Com $(f_i + (gd)_{ijk})$, tem-se que:

$$\begin{aligned}
 COV(I, g) &= c_1 \left[\sigma_{wd}^2 \left(1 - \frac{1}{K} \right) \right] + c_2 \left[\left(\sigma_f^2 - \frac{\sigma_f^2}{I} \right) + \sigma_{gw}^2 \left(\frac{1}{JK} - \frac{1}{IJK} \right) \right] \\
 &= c_1 \sigma_{gw}^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) + c_2 \sigma_f^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) + c_2 \frac{\sigma_{gw}^2}{JK} \left(\frac{K-1}{K} \right)
 \end{aligned}$$

O ganho esperado com a seleção baseado no índice (RS_{i1}) passa, então, a ser estimado por:

$$RS_{i1} = i \frac{\hat{\sigma}_f^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) c_2 + \hat{\sigma}_{gw}^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) \left[\frac{c_2}{JK} + c_1 \right]}{\sqrt{QD \left(\frac{K-1}{K} \right) c_1^2 + \frac{QF}{JK} \left(\frac{I-1}{I} \right) c_2^2}}$$

$$\text{com } c_1 = \left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right) \text{ e } c_2 = \left(\frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right)$$

ANEXO C. ÍNDICE PARA SELEÇÃO COMBINADA (I_2), ADAPTADO DE RESENDE, 1999.

A dedução deste índice para seleção combinada (I_2), adaptado de Resende, 1999, para seleção com reprodução vegetativa. Este índice leva em consideração a informação genética contida na média das parcelas.

Para tanto, foram consideradas as seguintes preposições:

- espécie de propagação vegetativa;
- delineamento estatístico de blocos (completos) ao acaso, com K observações por parcela, como segue:

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

na qual m corresponde à média geral, f_i mede o efeito da família i , b_j corresponde ao efeito da repetição j , e_{ij} refere-se ao erro experimental associado à repetição j na família i , e d_{ijk} é o efeito da planta k , no bloco j da família i ;

- que o efeito dentro da parcela pode ser subdividido em dois componentes, um ambiental e outro genético, ou seja,

$$\sigma_w^2 = \sigma_{gw}^2 + \sigma_{ew}^2$$

na qual σ_w^2 corresponde à variância fenotípica dentro de parcelas, σ_{gw}^2 é a variância genética dentro de parcelas e σ_{ew}^2 corresponde à variância ambiental dentro de parcelas.

O índice para a seleção com base em um único caráter é dado por:

$$I_2 = c_3(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + c_4(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + c_5(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} + \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})$$

em que:

$$c_3 = \text{herdabilidade dentro de cada família} = \left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right);$$

$$c_4 = \text{herdabilidade corrigida para famílias de tamanho finito} \left(\frac{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{gw}^2}{JK}}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right);$$

$$c_5 = \text{herdabilidade baseada nas médias de parcela} \left(\frac{\frac{\sigma_{gw}^2}{K}}{\sigma^2 + \frac{\sigma_w^2}{K}} \right)$$

$\bar{Y}_{...}$, $\bar{Y}_{i..}$, $\bar{Y}_{.j.}$, $\bar{Y}_{ij.}$ e Y_{ijk} correspondem, respectivamente, à média geral, de famílias, de blocos, de parcelas e de indivíduos dentro de parcelas.

Comparando este índice (I_2) com o apresentado no **Anexo B** (Bueno Filho, 1992), observa-se que este apresenta um incremento que é, justamente, a utilização da informação contida na parcela experimental $(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} + \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})$.

Na geração seguinte, mantidas as mesmas condições ambientais (o que significa desconsiderar as interações do tipo GxE), com reprodução vegetativa, o valor genotípico (g_{ijk}) de um indivíduo obtido a partir de um material selecionado é:

$$g_{ijk} = f_i + (gd)_{ijk}$$

em que:

p_i corresponde ao valor genotípico da progênie i e $(gd)_{ijk}$ corresponde ao valor genotípico da planta ijk .

A seleção baseada em I_2 (GS_{i2}) é do tipo massal (individual) e o progresso é dado por:

$$GS_{i2} = i \frac{COV(I, g)}{\sigma_{FI}}$$

na qual i corresponde ao diferencial de seleção estandardizado que é dado por

$i = \frac{S_i}{\sigma_{FI}}$, em que S_i é o diferencial de seleção do índice e σ_{FI} é o desvio padrão

fenotípico do índice; e $COV(I, g)$ corresponde à covariância entre o índice e o valor genotípico do indivíduo na geração seguinte.

As estimativas de $COV(I, g)$ e σ_{FI} podem ser obtidas da seguinte forma:

1. Obtenção do desvio padrão fenotípico do índice (σ_{FI}):

Considerando que $\sigma_{FI} = \sqrt{\sigma_{FI}^2}$, temos, para um modelo aleatório, que:

$$\begin{aligned} \sigma_{FI}^2 = & c_3^2 \sigma^2 (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + c_4^2 \sigma^2 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + c_5^2 \sigma^2 (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) + \\ & \quad (A) \quad (B) \quad (C) \\ & 2c_3c_4 COV[(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}), (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})] + 2c_3c_5 COV[(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}), (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})] + \\ & \quad (D) \quad (E) \\ & 2c_4c_5 COV[(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}), (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})] \\ & \quad (F) \end{aligned}$$

Desenvolvendo por parte, temos que:

(A):

$$\sigma^2(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) = \sigma^2 \left[(f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}) - \left(f_i + b_j + e_{ij} + \frac{\sum_K d_{ijk}}{K} \right) \right]$$

$$\sigma^2(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) = \left(\frac{K-1}{K} \right) \sigma_w^2$$

(B):

$$\sigma^2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) = \sigma^2(\bar{Y}_{i..}) + \sigma^2(\bar{Y}_{...}) - 2COV(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{...})$$

$$\sigma^2(\bar{Y}_{i..}) = \sigma^2 \left(f_i + \frac{\sum_J b_j}{J} + \frac{\sum_J e_{ij}}{J} + \frac{\sum_{JK} d_{ijk}}{JK} \right) = \sigma_f^2 + \frac{\sigma_b^2}{J} + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}$$

$$\sigma^2(\bar{Y}_{...}) = \sigma^2 \left(\frac{f_i}{I} + \frac{\sum b_j}{J} + \frac{\sum e_{ij}}{IJ} + \frac{\sum d_{ijk}}{IJK} \right) = \frac{\sigma_f^2}{I} + \frac{\sigma_b^2}{J} + \frac{\sigma^2}{IJ} + \frac{\sigma_w^2}{IJK}$$

$$\begin{aligned} COV(\bar{Y}_{i...}, \bar{Y}_{...}) &= COV \left[\left(\frac{f_i}{I} + \frac{\sum b_j}{J} + \frac{\sum e_{ij}}{IJ} + \frac{\sum d_{ijk}}{IJK} \right), \left(\frac{f_i}{I} + \frac{\sum b_j}{J} + \frac{\sum e_{ij}}{IJ} + \frac{\sum d_{ijk}}{IJK} \right) \right] \\ &= \frac{\sigma_f^2}{I} + \frac{\sigma_b^2}{J} + \frac{\sigma^2}{IJ} + \frac{\sigma_w^2}{IJK} \end{aligned}$$

$$-2COV(\bar{Y}_{i...}, \bar{Y}_{...}) = -\frac{2\sigma_f^2}{I} - \frac{2\sigma_b^2}{J} - \frac{2\sigma^2}{IJ} - \frac{2\sigma_w^2}{IJK}$$

então, **(B)** corresponde a:

$$\begin{aligned} \sigma^2(\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{...}) &= \sigma_f^2 \left(1 - \frac{1}{I} \right) + \sigma^2 \left(\frac{1}{J} - \frac{1}{IJ} \right) + \sigma_w^2 \left(\frac{1}{JK} - \frac{1}{IJK} \right) \\ &= \sigma_f^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) + \sigma^2 \left(\frac{I-1}{IJ} \right) + \sigma_w^2 \left(\frac{I-1}{IJK} \right) \end{aligned}$$

$$\sigma^2(\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{...}) = \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK} \right)$$

(C):

$$\sigma^2(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) = \sigma_e^2$$

Tem-se que:

$$(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) = \hat{e}_{ij}$$

e considerando-se:

$$\bar{Y}_{ij.} = m + t_i + b_j + e_{ij} + \left(\frac{1}{K}\right) \sum_k d_{ijk}$$

$$\bar{Y}_{i..} = m + t_i + \left(\frac{1}{J}\right) \sum_j b_j + \left(\frac{1}{J}\right) \sum_j e_{ij} + \left(\frac{1}{JK}\right) \sum_{jk} d_{ijk}$$

$$\bar{Y}_{.j.} = m + \left(\frac{1}{I}\right) \sum_i t_i + b_j + \left(\frac{1}{I}\right) \sum_i e_{ij} + \left(\frac{1}{IK}\right) \sum_{ik} d_{ijk}$$

$$\bar{Y}_{...} = m + \left(\frac{1}{I}\right) \sum_i t_i + \left(\frac{1}{J}\right) \sum_j b_j + \left(\frac{1}{IJ}\right) \sum_{ij} e_{ij} + \left(\frac{1}{IJK}\right) \sum_{ijk} d_{ijk}$$

Então:

$$\begin{aligned} \hat{e}_{ij} = & e_{ij} - \left(\frac{1}{J}\right) \sum_j e_{ij} - \left(\frac{1}{I}\right) \sum_i e_{ij} + \left(\frac{1}{IJ}\right) \sum_{ij} e_{ij} + \\ & \left[\left(\frac{1}{K}\right) \sum_j d_{ijk} - \left(\frac{1}{J}\right) \sum_{jk} d_{ijk} - \left(\frac{1}{I}\right) \sum_{ik} d_{ijk} + \left(\frac{1}{IJK}\right) \sum_{ijk} d_{ijk}\right] \end{aligned}$$

Logo:

$$\sigma^2(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} + \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) = \left(1 - \frac{1}{I}\right) \left(1 - \frac{1}{J}\right) \left(\sigma^2 + \frac{\sigma_w^2}{K}\right)$$

(D), (E) e (F):

$$COV[(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}), (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})] = 0$$

$$COV[(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}), (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})] = 0$$

$$COV[(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}), (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})] = 0$$

A estimativa de σ_{FI}^2 passa a ser dada por:

$$\sigma_{FI}^2 = c_3^2 \left(\frac{K-1}{K}\right) \sigma_w^2 + c_4^2 \left(\frac{I-1}{I}\right) \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}\right) + c_5^2 \left(\frac{I-1}{I}\right) \left(\frac{J-1}{J}\right) \left(\sigma^2 + \left(\frac{\sigma_w^2}{K}\right)\right)$$

ou, então, diretamente pelos quadrados médios da análise de variância, por:

$$\sigma_{FI}^2 = c_3^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) QD + c_4^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) \frac{QF}{JK} + c_5^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\frac{J-1}{J} \right) \frac{QE}{K}$$

2. Obtenção da covariância entre o índice e o valor genotípico do indivíduo na geração seguinte ($COV(I, g)$):

$$COV(I, g) = \left\{ \underset{(A)}{c_1 (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.})} + \underset{(B)}{c_2 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})} + \underset{(C)}{c_3 (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{I..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})} \right\} [t_i + (gd)_{ijk}]$$

considerando apenas a parte genotípica, que é de interesse, tem-se:

(A):

$$\begin{aligned} COV[(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.})(t_i + dg_{ijk})] &= \sigma_{gw}^2 - \frac{1}{K} \sigma_{gw}^2 = \\ &= \sigma_{gw}^2 \left(K - \frac{1}{K} \right) \end{aligned}$$

(B):

$$\begin{aligned} COV[(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})(t_i + dg_{ijk})] &= \sigma_f^2 - \frac{\sigma_f^2}{I} + \frac{\sigma_b^2}{JK} - \frac{\sigma_{gw}^2}{IJK} = \\ &= \sigma_f^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) + \sigma_{gw}^2 \left(\frac{1}{JK} \right) \left(\frac{I-1}{I} \right) = \\ &= \left(\frac{I-1}{I} \right) \left[\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{gw}^2}{JK} \right] \end{aligned}$$

(C):

$$\begin{aligned} COV[(\hat{e}_{ij})(t_i + dg_{ijk})] &= \left(\frac{1}{K} \right) \sigma_{gw}^2 \left(1 - \frac{1}{J} - \frac{1}{I} + \frac{1}{IJ} \right) = \\ &= \frac{\sigma_{gw}^2}{K} \left(\frac{J-1}{J} \right) \left(\frac{I-1}{I} \right) \end{aligned}$$

tem-se, então, que:

$$COV(I, g) = c_3 \sigma_{gw}^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) + c_4 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left[\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{gw}^2}{JK} \right] + c_5 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\frac{J-1}{J} \right) \left(\frac{1}{K} \right) \sigma_{gw}^2$$

O ganho esperado com a seleção baseado no índice (RS_{i2}) passa, então, a ser estimado por:

$$RS_{i2} = i \frac{COV_{(I,g)}}{\sqrt{\sigma_{FI}^2}}$$

$$RS_{i2} = i \frac{c_3 \sigma_{gw}^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) + c_4 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left[\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{gw}^2}{JK} \right] + c_5 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\frac{J-1}{J} \right) \left(\frac{1}{K} \right) \sigma_{gw}^2}{\sqrt{c_3^2 \left(\frac{K-1}{K} \right) \sigma_w^2 + c_4^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK} \right) + c_5^2 \left(\frac{I-1}{I} \right) \left(\frac{J-1}{J} \right) \left(\sigma^2 + \left(\frac{\sigma_w^2}{K} \right) \right)}}$$

$$\text{com } c_3 = \left(\frac{\sigma_{gw}^2}{\sigma_w^2} \right), \quad c_4 = \left(\frac{[\sigma_G^2 + (JK-1)\sigma_f^2](1/JK)}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{J} + \frac{\sigma_w^2}{JK}} \right) \text{ e } c_5 = \left(\frac{\sigma_{gw}^2/K}{\sigma^2 + \sigma_w^2/K} \right)$$

ANEXO D. ANÁLISE DE VARIÂNCIA INDIVIDUAL PARA PIRACICABA E JAÚ, CONSIDERANDO O TIPO DE FAMÍLIA (IRMÃO GERMANO E MEIO IRMÃO).

Tabela D.1 Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a), na localidade de Piracicaba e com famílias de irmãos Germanos, para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

FV	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos	2	9322,2459 *	13,8646 *	6,0198 *	49,2265	2905,9856	135,4251
Famílias	17	10034,3710 **	56,6730 **	10,4752 **	90,1533 **	12678,4649 **	443,8442 **
Erro	34	1807,2192 **	3,8828 **	1,5635 *	16,6216	1712,7220	48,5086
Dentro	1202	699,8544	1,4207	1,0059	19,1299	1934,5358	60,9907
Total	1255						
Média		217,23	17,50	5,35	7,01	78,22	13,76
CV%		4,1	2,3	4,8	12,0	11,0	10,5

* $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; $\bar{k} = 23,2538$; $CV\% = \frac{\sqrt{(QE/\bar{k})}}{Média} \cdot 100$

Tabela D.2 Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a), na localidade de Jaú e com famílias de irmãos Germanos, para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

FV	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos	2	6887,6661	109,2585 **	3,1921	23,8651	1110,2864	148,9849
Famílias	17	7583,6376 **	49,5225 **	8,3980 **	74,1388 **	4581,1598 *	195,8836 **
Erro	34	2280,2624 **	5,4925 **	1,2399 *	9,6817	1852,9496	72,8193
Dentro	1236	719,7229	1,7180	0,8539	10,6724	1488,7195	61,6979
Total	1289						
Média		187,49	20,08	5,34	7,09	72,31	14,55
CV%		5,3	2,4	4,3	9,1	12,3	12,1

$$* p<0,05; ** p<0,01; \bar{k} = 23,8815; CV\% = \frac{\sqrt{(QE/\bar{k})}}{Média} \cdot 100$$

Tabela D.3 Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a), na localidade de Piracicaba e com famílias de meio irmãos, para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

FV	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos	2	6059,8643 *	1,1123	1,5036	22,3901	3567,0493	104,3862
Famílias	14	10748,6318 **	71,9915 **	7,0005 **	59,2891 **	5082,5735 *	124,6971
Erro	28	1685,3056 **	6,8558 **	1,2536	10,8248	2286,9070	71,9071
Dentro	1010	751,5723	1,5843	1,0202	9,7449	1814,3623	58,0605
Total	1054						
Média		225,36	17,89	5,29	6,60	79,13	14,15
CV%		3,8	3,0	4,4	10,3	12,5	12,4

$$* p<0,05; ** p<0,01; \bar{k} = 23,4546; CV\% = \frac{\sqrt{(QE/\bar{k})}}{Média} \cdot 100$$

Tabela D.4 Análise de variância dos caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH) do experimento (a), na localidade de Jaú e com famílias de meio irmãos, para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

FV	GL	Quadrado Médio (Q)					
		Altura	Brix	Diâmetro	Perfilho	TCH	TBH
Blocos	2	5397,2271	75,6293 **	4,0911 *	3,6011	1369,6919	108,7011
Famílias	14	6668,0750	54,3864 **	5,6418 **	46,9787 **	7544,3354 **	381,7578 **
Erro	28	3710,6107 **	7,4597 **	0,9543	9,9555	2319,9009 *	83,9654
Dentro	1011	763,2127	1,8285	0,8241	9,2654	1453,2448	59,1075
Total	1055						
Média		194,86	20,22	5,29	6,65	71,95	14,56
CV%		6,5	2,8	3,8	9,8	13,8	13,0

* $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; $\bar{k} = 23,4679$; $CV\% = \frac{\sqrt{(QE/\bar{k})}}{Média} \cdot 100$

ANEXO E. ESTIMATIVA DOS COMPONENTES DA VARIÂNCIA A PARTIR DA ANÁLISE INDIVIDUAL PARA PIRACICABA E JAÚ, CONSIDERANDO-SE O TIPO DE FAMÍLIA (IRMÃO GERMANO E MEIO IRMÃO).

Tabela E.1 Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas, das herdabilidades e também dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), na localidade de Piracicaba, com famílias de irmãos germanos (IG), para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%
σ_f^2	117,9327	5,0	0,7567	5,0	0,1277	6,7	1,0540	14,6	157,1892	16,0	5,6670	17,3
σ^2	47,6208	3,2	0,1059	1,9	0,0240	2,9	-0,1079		-9,5388		-0,5368	
σ_w^2	699,8544	12,2	1,4207	6,8	1,0059	18,7	19,1299	62,4	1934,5358	56,2	60,9907	56,7
σ_{gw}^2	590,6771	11,2	1,1201	6,0	0,6066	14,5	11,6903	48,8	929,1575	39,0	30,7942	40,3
σ_{ew}^2	109,1773	4,8	0,3006	3,1	0,3994	11,8	7,4396	38,9	1005,3783	40,5	30,1965	39,9
σ_G^2	708,6098	12,3	1,8768	7,8	0,7343	16,0	12,7443	50,9	1086,3467	42,1	36,4612	43,9
σ_{Fmd}^2	143,8384	5,5	0,8124	5,1	0,1502	7,2	1,2923	16,2	181,7403	17,2	6,3623	18,3
σ_F^2	865,4078	5,0	2,2833	8,6	1,1577	20,1	20,1839	64,1	2091,7250	58,5	66,6577	59,3
h_m^2	0,820		0,931		0,851		0,816		0,865		0,891	
h_i^2	0,819		0,822		0,634		0,631		0,519		0,547	
h_d^2	0,844		0,788		0,603		0,611		0,480		0,505	

CV% - Coeficiente de variação referente à estimativa apresentada na primeira coluna; $\hat{\sigma}_f^2$ - variância genética entre famílias; $\hat{\sigma}^2$ - variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$ - variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{gw}^2$ - variância genética entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{ew}^2$ - variância ambiental entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_G^2$ - variância genética total; $\hat{\sigma}_{Fmd}^2$ - variância fenotípica ao nível de médias de parcelas; $\hat{\sigma}_F^2$ - variância fenotípica ao nível de plantas individuais; $\hat{h}_m^2$ herdabilidade ao nível de médias de famílias; $\hat{h}_i^2$ herdabilidade ao nível de plantas individuais; e $\hat{h}_d^2$ herdabilidade entre plantas dentro de famílias.

Tabela E.2 Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas, das herdabilidades e também dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), na localidade de Jaú, com famílias de irmãos germanos (IG), para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%
σ_f^2	74,0235	4,6	0,6146	3,9	0,0999	5,9	0,8997	13,4	38,0799	8,5	1,7177	9,0
σ^2	65,3452	4,3	0,1581	2,0	0,0162	2,4	-0,0415		15,2516	5,4	0,4657	4,7
σ_w^2	719,7229	14,3	1,7180	6,5	0,8539	17,3	10,6724	46,1	1488,7195	53,4	61,6979	54,0
σ_{gw}^2	638,3981	13,5	1,3225	5,7	0,4568	12,7	3,0687	24,7	629,4980	34,7	27,9405	36,3
σ_{ew}^2	81,3248	4,8	0,3955	3,1	0,3971	11,8	7,6037	38,9	859,2215	40,5	33,7574	39,9
σ_G^2	712,4216	14,2	1,9371	6,9	0,5567	14,0	3,9684	28,1	667,5779	35,7	29,6582	37,4
σ_{Fmd}^2	105,8510	5,5	0,6912	4,1	0,1172	6,4	1,0348	14,4	63,9430	11,1	2,7341	11,4
σ_F^2	859,0916	4,6	2,4906	7,9	0,9699	18,4	11,5721	48,0	1542,0509	54,3	63,8813	54,9
h_m^2	0,699		0,889		0,852		0,869		0,596		0,628	
h_i^2	0,829		0,778		0,574		0,343		0,433		0,464	
h_d^2	0,887		0,770		0,535		0,288		0,423		0,453	

CV% - Coeficiente de variação referente à estimativa apresentada na primeira coluna; $\hat{\sigma}_f^2$ - variância genética entre famílias; $\hat{\sigma}^2$ - variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$ - variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{gw}^2$ - variância genética entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{ew}^2$ - variância ambiental entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_G^2$ - variância genética total; $\hat{\sigma}_{Fmd}^2$ - variância fenotípica ao nível de médias de parcelas; $\hat{\sigma}_F^2$ - variância fenotípica ao nível de plantas individuais; $\hat{h}_m^2$ herdabilidade ao nível de médias de famílias; $\hat{h}_i^2$ herdabilidade ao nível de plantas individuais; e $\hat{h}_d^2$ herdabilidade entre plantas dentro de famílias.

Tabela E.3 Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas, das herdabilidades e também dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), na localidade de Piracicaba, com famílias de meio irmãos (MI), para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%
σ^2_f	128,8067	5,0	0,9257	5,4	0,0817	5,4	0,6888	12,6	39,7316	8,0	0,7502	6,1
σ^2	39,8102	2,8	0,2248	2,7	0,0100	1,9	0,0460	3,3	20,1472	5,7	0,5904	0,0
σ^2_w	751,5723	12,2	1,5843	7,0	1,0202	19,1	9,7449	47,3	1814,3623	53,8	58,0605	53,8
σ^2_{gw}	634,3270	11,2	1,2491	6,2	0,6152	14,8	5,9551	37,0	871,4382	37,3	29,3147	38,3
σ^2_{ew}	117,2453	4,8	0,3352	3,2	0,4050	12,0	3,7898	29,5	942,9241	38,8	28,7457	37,9
σ^2_G	763,1337	12,3	2,1748	8,2	0,6969	15,8	6,6438	39,1	911,1698	38,1	30,0650	38,7
σ^2_{Fmd}	152,7580	5,5	1,0231	5,7	0,0995	6,0	0,8426	13,9	72,2328	10,7	1,7722	9,4
σ^2_F	920,1892	4,8	2,7347	9,2	1,1118	19,9	10,4797	49,1	1874,2411	54,7	59,4011	54,5
h^2_m	0,843		0,905		0,821		0,817		0,550		0,423	
h^2_i	0,829		0,795		0,627		0,634		0,486		0,506	
h^2_d	0,844		0,788		0,603		0,611		0,480		0,505	

CV% - Coeficiente de variação referente à estimativa apresentada na primeira coluna; $\hat{\sigma}_f^2$ - variância genética entre famílias; $\hat{\sigma}^2$ - variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$ - variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{gw}^2$ - variância genética entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{ew}^2$ - variância ambiental entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_G^2$ - variância genética total; $\hat{\sigma}_{Fmd}^2$ - variância fenotípica ao nível de médias de parcelas; $\hat{\sigma}_F^2$ - variância fenotípica ao nível de plantas individuais; $\hat{h}_m^2$ herdabilidade ao nível de médias de famílias; $\hat{h}_i^2$ herdabilidade ao nível de plantas individuais; e $\hat{h}_d^2$ herdabilidade entre plantas dentro de famílias.

Tabela E.4 Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas, das herdabilidades e também dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura e diâmetro dos colmos, número de perfilhos, Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), na localidade de Jaú, com famílias de meio irmãos (MI), para a cultura da cana-de-açúcar, em 1993.

Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilho		TCH		TBH	
	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%	Estimativa	CV%
σ^2_f	42,0072	3,3	0,6665	4,0	0,0666	4,9	0,5259	10,9	74,2068	12,0	4,2298	14,1
σ^2	125,5928	5,8	0,2400	2,4	0,0055	1,4	0,0294		36,9294	8,4	1,0592	7,1
σ^2_w	763,2127	14,2	1,8285	6,7	0,8241	17,2	9,2654	45,8	1453,2448	53,0	59,1075	52,8
σ^2_{gw}	675,5566	13,3	1,4003	5,9	0,4197	12,3	5,4153	35,0	673,6825	36,1	28,6649	36,8
σ^2_{ew}	87,6561	4,8	0,4282	3,2	0,4044	12,0	3,8501	29,5	779,5622	38,8	30,4426	37,9
σ^2_G	717,5638	13,7	2,0668	7,1	0,4863	13,2	5,9412	36,7	747,8894	38,0	32,8947	39,4
σ^2_{Fmd}	94,7120	5,0	0,7725	4,3	0,0801	5,4	0,6673	12,3	107,1583	14,4	5,4224	16,0
σ^2_F	930,8127	4,5	2,7350	8,2	0,8962	17,9	9,8207	47,1	1564,3810	55,0	64,3965	55,1
h^2_m	0,444		0,863		0,831		0,788		0,692		0,780	
h^2_i	0,771		0,756		0,543		0,605		0,478		0,511	
h^2_d	0,885		0,766		0,509		0,584		0,464		0,485	

CV% - Coeficiente de variação referente à estimativa apresentada na primeira coluna; $\hat{\sigma}_f^2$ - variância genética entre famílias; $\hat{\sigma}^2$ - variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$ - variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{gw}^2$ - variância genética entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{ew}^2$ - variância ambiental entre plantas dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_G^2$ - variância genética total; $\hat{\sigma}_{Fmd}^2$ - variância fenotípica ao nível de médias de parcelas; $\hat{\sigma}_F^2$ - variância fenotípica ao nível de plantas individuais; $\hat{h}_m^2$ herdabilidade ao nível de médias de famílias; $\hat{h}_i^2$ herdabilidade ao nível de plantas individuais; e $\hat{h}_d^2$ herdabilidade entre plantas dentro de famílias.

ANEXO F. EQUAÇÕES UTILIZADAS PARA OBTER A TAXA DE SELEÇÃO DENTRO DE FAMÍLIAS NO MÉTODO DA SELEÇÃO SEQUENCIAL MODIFICADA.

Como descrito no **item 3.3.1.2.5** a resposta à seleção sequencial modificada é dada pela somatória da seleção praticada em cada família individualmente. Para tanto, faz-se necessário estabelecer uma combinação de taxas de seleção entre e dentro da família. A taxa entre é a unidade da família e a taxa dentro é obtida com a utilização de uma equação oriunda de regressão linear múltipla, como segue:

$$RS_{sm} = aE + bD + c$$

em que: a , b e c são constantes obtidas a partir de regressão linear múltipla, considerando-se como variável dependente a resposta esperada à seleção sequencial modificada em valores absolutos e como variáveis independentes a taxa de seleção entre famílias e a taxa de seleção entre plantas dentro de famílias; E corresponde a taxa de seleção entre famílias, com intervalo de variação correspondente a unidade da família; D corresponde à taxa de seleção dentro da referida família e; RS_{sm} é a resposta à seleção e será função da taxa de seleção global da população e de suas respectivas estimativas genéticas e fenotípicas.

A forma com que a regressão linear múltipla foi realizada encontra-se esquematizada na **Tabela F.1**, e os coeficientes obtidos a partir desta regressão a , b e c estão na **Tabela F.2**.

Tabela F.1 Esquema das combinações entre taxas de seleção entre e dentro utilizadas na obtenção da regressão linear múltipla.

Taxa entre (E)	Taxa dentro (D)	Resposta à seleção sequencial (RS_s)
0,0305	0,01	$RS_{s(0,0305;0,01)} = ds_{0,0305}h_m^2 + i_{0,01}\sigma_w h_w^2$
0,0305	0,02	$RS_{s(0,0305;0,02)} = ds_{0,0305}h_m^2 + i_{0,02}\sigma_w h_w^2$
...	...	...
0,0305	1,00	$RS_{s(0,0305;0,01)} = ds_{0,0305}h_m^2 + i_{1,00}\sigma_w h_w^2$
0,0610	0,01	$RS_{s(0,0610;0,01)} = ds_{0,0610}h_m^2 + i_{0,01}\sigma_w h_w^2$
0,0610	0,02	$RS_{s(0,0610;0,01)} = ds_{0,0610}h_m^2 + i_{0,02}\sigma_w h_w^2$
...	...	...
0,0610	1,00	$RS_{s(0,0610;0,01)} = ds_{0,0610}h_m^2 + i_{1,00}\sigma_w h_w^2$
...	...	...
...	...	...
1,000	0,01	$RS_{s(1,000;0,01)} = i_{0,01}\sigma_w h_w^2$
1,000	0,02	$RS_{s(1,000;0,01)} = i_{0,02}\sigma_w h_w^2$
...	...	...
1,000	1,00	0

Tabela F.2 Coeficientes das equações utilizadas na obtenção da taxa de seleção dentro de famílias no método da seleção sequencial modificada.

	Piracicaba			Jaú		
	b	a	c	b	a	c
Altura	-47,8823	-35,7593	63,3039	-51,2803	-22,7769	59,8011
Brix	-2,0325	-2,9603	3,4301	-2,1771	-2,5040	3,3307
Diâmetro	-1,2798	-0,9777	1,7032	-1,0318	-0,8645	1,4125
Perfilho	-4,1392	-2,6731	5,2569	-4,0035	-2,5377	5,0600
TCH	-43,8934	-29,0899	56,1292	-35,7745	-18,9199	43,2798
TBH	-8,2267	-5,2236	10,4022	-7,6789	-4,4476	9,4890

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BACKER, R.J. **Selection indices in plant breeding**. Boca Raton: CRC Press, 1986. 218p.
- BOND, R.S. Observations on family selection in the Mount Edgecombe sugarcane breeding programme. In: SOUTH AFRICAN SUGAR TECHNOLOGISTS' ASSOCIATION ANNUAL CONGRESS, 63, Durban and Mount Edgecombe, 1989. **Proceedings**. Mount Edgecombe: South African Sugar Technologists' Association, 1989. p. 132-135.
- BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. London: Chapman & Hall, 1995. 347p.
- BREAUX, R.D.; MILLER, J.D. Seed handling, germination and seedling propagation. In: HEINZ, D.J. (Ed.) **Sugarcane improvement through breeding**. New York: Elsevier, 1987. 603p. (Developments in Crop Science, 11).
- BROWN, A.H.D.; DANIELLS, J.; LATTER, B.D.H. Quantitative genetics of sugarcane. I – Analysis of variation in a commercial hybrid sugarcane population. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 38, p. 361-369, 1968.
- BROWN, A.H.D.; DANIELLS, J.; LATTER, B.D.H. Quantitative genetics of sugarcane. II - Correlation analysis of continuous characters in relation to hybrid sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, v.39, p. 1-10. 1969.
- BUENO FILHO, J.S.S. Seleção combinada versus seleção sequencial no melhoramento de populações florestais. Piracicaba, 1992. 96p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

- BULL, J.K.; HOGARTH, D.M.; BASFORD, K.E. Impact of genotype x environment interactions on response to selection in sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.32, p. 731-737, 1992.
- BURDON, R.D. Selection indices using information from multiple sources for the single-trait case. **Silvae Genetica**, v.31, n.2/3, p. 81-85, 1982.
- CECCARELLI, S. Wide adaptation: how wide? **Euphytica**, v.40, p. 197-205, 1989.
- CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potential of sugarcane family to produce elite genotypes using bivariate prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p. 633-639, 1992a.
- CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potential of sugarcane family to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 84, p. 662-671, 1992b.
- CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA, AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO. **Manual de instruções**. 2.ed. Piracicaba, 2000. 92p.
- COOPERATIVA DOS PRODUTORES DE CANA, AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO. **Relatório anual 1992/1993**. Piracicaba, 1993. 80p.
- COOPERATIVA DOS PRODUTORES DE CANA, AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO. **Relatório anual 1999/2000**. Piracicaba, 2000. 88p.
- COX, M.C.; HOGARTH, D.M. The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10., Bundaberg, 1993. **Proceedings**. Brisbane: Watson Ferguson, 1993. p. 53-54.
- COX, M.C.; MCRAE, T.A.; BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program. In: WILSON, J.R.; HOGARTH, D.M.; CAMPBELL, J.A.; GARSIDE, A.L. (Ed.) **Sugarcane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane: CSIRO Division of Tropical Crops and Pasture, 1996. p. 42-43.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.

- FEDERER, W.T. Augmented (or Hoonuiaku) designs. **The Hawaiian Planters' Record**, v. 55, p. 191-208, 1956.
- FISHER, R.A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. **Annals of Eugenics**, v.7, p. 179-189, 1936.
- GEORGE, E.F. An experiment to assess the effect of competition between sugar cane clones at the microplot stage of selection. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 12., San Juan, 1965. **Proceedings**. Amsterdam: Elsevier, 1967. p. 920-930.
- HAMBLIN, J.; FISHER, H.M.; RIDINGS, H.I. The choice of locality for plant breeding when selecting for high yield and general adaptation. **Euphytica**, v.26, p. 161-168, 1980.
- HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. I. Estimation of variance components. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 22, p. 93-102, 1971a.
- HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlation and predict response to selection. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 22, p. 103-109, 1971b.
- HOGARTH, D.M.; BULL, J.K. The implications of genotype x environment interactions for evaluating sugarcane families. I. Effect on selection. In: KANG, M.S. **GE interaction and plant breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University, 1990. p. 335-346.
- HOGARTH, D.M.; MULLINS, R.T. Changes in BSES plant improvement program. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 20., São Paulo, 1989. **Proceedings**. São Paulo: The Organizing Committee, 1989. p. 956-961.
- HOGARTH, D.M.; SKINNER, J.C. **A sampling method for measuring yields of sugarcane in replicated trials**. Brisbane: BSES, 1967. 24 p.

- HOGARTH, D.M.; BRAITHWAITE, M.J.; SKINNER, J.C. Selection of sugarcane families in the Burdekin district. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 12., Townsville, 1990. **Proceedings.** Brisbane: Watson Ferguson, 1990. p. 99-104.
- HOGARTH, D.M., COX, M.C.; BULL, J.K. Sugarcane improvement: past achievements and future prospects. In: KANG, M.S. **Crop improvement for the 21st century.** Baton Rouge: Louisiana State University, 1997. p. 29-56.
- HOGARTH, D.M.; WU, K.K.; HEINZ, D.J. Estimating genetic variances in sugarcane using a factorial cross design. **Crop Science**, v. 21, p. 21-25, 1981.
- JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A. Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research**, v. 59, p. 151-162, 1998.
- JACKSON, P.A.; BULL, J.K.; MCRAE, T.A. The role of family selection in a sugarcane breeding program and its effect in genotype x environment interactions. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 22., Cartagena, 1995. **Proceedings.** Cali: Tecnicaña, 1996. p. 261-270.
- JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A. ; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, v. 43, p. 109-118, 1995a.
- JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. II. Patterns of response and association with environmental factors. **Field Crops Research**, v. 43, p. 119-130, 1995b.
- KIMBENG, C.A.; MCRAE, T.A.; STRINGER, J.K. Gains from family and visual selection in sugarcane, particularly for heavily lodged crops in the Burdekin region. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 22., Bundaberg, 2000. **Proceedings.** Brisbane: Watson Ferguson, 2000. p. 163-169.

- KOJIMA, K.; KELLEHER, T. Selection studies of quantitative traits with laboratory animals. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS,NCR, 1963. p. 395-421.
- LATTER, B.D.H. Selection methods in the breeding of cross-fertilized pasture species. In: BARNARD, C. **Grasses and grasslands**. London: Macmillan, 1964. p. 168-181.
- LERNER, I.M. **The genetic basis for selection**. New York: John Willey, 1958. 298p.
- LUSH, J.L. Family merit and individual merit as basis for selection. **American Naturalist**, v. 80, p. 318-342, 1947.
- MANGLESDORF, A.J. Sugarcane breeding in Hawaii. Part II. **Hawaiian Planters' Record**, v. 54, p. 101-137, 1953.
- MARIOTTI, J.A.; CUENYA, M.I. e SALAS, M.B.G. de. Analisis de componentes familiares e intra-familiares em progenies de combinaciones biparentales de canã de azucar (*Saccharum spp.*). **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v. 76, n. 1/2, p. 52-57, 1999.
- McRAE, T.A.; JACKSON, P.A. Selection of sugarcane families for the Burdekin River irrigation area. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 17., Bundaberg, 1995. **Proceedings**. Brisbane: Watson Ferguson, 1995. p. 134-141.
- McRAE, T.A.; HOGATH, D.M.; FOREMAN, J.W.; BRAITHWAITE, M.J. Selection of sugarcane seedling families in Burdekin district. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10., Gold Coast, 1993. **Proceedings**. Gold Coast: The Organizing Committee, 1993. v.1, p. 77-82.
- McRAE, T.A.; ERQUIAGA, D.L.; JENSEN, L.F. RATTEY, A.R.; STRINGER, J.K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 20., Ballina, 1998. **Proceedings**. Brisbane: Watson Ferguson, 1998. p. 196-203.
- MULLINS, R.T. Studies of genotype by environment (GE) interaction in sugarcane. Queensland, 1988. 148 p. Thesis (PhD) - University of Queensland.

- ORTIZ, R.; CABALLERO, A. Effectiveness of early sugarcane selection procedures in Cuba. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 20., São Paulo, 1989. **Proceedings**. São Paulo: The Organizing Committee, 1989. p. 932-937.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v1, p. 202-272.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Nobel, 1990. 468 p.
- SIMMONDS, N.W. Selection for local adaptation in a plant breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 82, p. 363-367, 1991.
- SIMMONDS, N.W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, v.90, p. 201-208, 1996.
- SKINNER, J.C. Sugarcane selection experiments. II. Competition between varieties. **Bureau of Sugar Experiment Station Technical Communication**, n.1, p. 1-26, 1961.
- SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria and indices. In: HEINZ, D.J. **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 409-453.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v.7, p. 240-250, 1936.
- SOUZA Jr., C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134 p.
- SOUZA Jr., C.L. **Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa**. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Genética, 1995. 41 p. (Publicação Didática).
- SOUZA-VIEIRA, O de; MILLIGAN, S.B. Intrarow plant spacing and family x environment interaction effects on sugarcane family evaluation. **Crop Science**, v. 39, p. 358-364, Mar./Apr. 1999.

- SUKARSO, G. Assessment of family selection on original seedlings of sugarcane at Pasuruan. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 19., Jakarta, 1986. **Proceedings**. Jakarta: The Organizing Committee, 1986. p. 440-446.
- TAI, P.Y.P.; MILLER, J.D. Family performance at early stages of selection and frequency of superior clones from crosses among Canal Point cultivars of sugarcane. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v.9, p. 62-70, 1989.
- TOVEY, D.A; GLASZIOUS, K.T.; FARQUHAR, R.H.; BULL, T.A. Variability in radiation received by small plots of sugarcane due to differences in canopy heights. **Crop Science**, v.13, p. 240-242, 1973.
- URATA, R. Seedling propagation and bunch size for field transplanting. In: HAWAIIAN SUGAR PLANTERS' ASSOCIATION EXPERIMENT STATION. **Annual report 1969**. Aiea, 1969. p.12.
- VELA-CARDENAS, M.; FREY, K.J. Optimum environment for maximizing heritability and genetic gain from selection. **Iowa State Journal of Science**, v. 46, p. 381-394, 1972.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- WHITE, T.L.; HODGE, G.R. **Predicting breeding value with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic Press, 1989. 367p.
- WU, K.K.; TEW, T.L. Evaluation of sugarcane crosses by family yields. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 20., São Paulo, 1989. **Proceedings**. São Paulo: The Organizing Committee, 1989. p. 925-930.