VALÉRIA ROSA LOPES

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR DA SÉRIE RB97

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. João Carlos Bespalhok Filho
Co-orientador: Prof. Dr. Edelclaiton Daros

CURITIBA

2007

Livros Grátis

http://www.livrosgratis.com.br

Milhares de livros grátis para download.

Lopes, Valéria Rosa
Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar da série RB97/ Valéria Rosa Lopes.— Curitiba, 2007.
87 f.
Orientador: João Carlos Bespalhok Filho
Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná.

1. Cana-de-açúcar – Melhoramento genético. 2. Cana-de-açúcar - Variedades. 3. Genética vegetal. I. Título.

CDU 631.523:633.61
CDD 631.523

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA E FITOSSANITARISMO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA
PRODUÇÃO VEGETAL

PARECER

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a argüição da Dissertação de MESTRADO, apresentada pela candidata **VALÉRIA ROSA LOPES**, sob o título **"DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR DA SÉRIE RB97"**, para obtenção do grau de Mestre em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.

Após haver analisado o referido trabalho e argüido a candidata são de parecer pela "**APROVAÇÃO**" da Dissertação.

Curitiba, 28 de Novembro de 2007.

Professora Dra. Maria Celeste Gonçalves Vidigal
Primeira Examinadora

Dr. Ricardo Augusto de Oliveira
Segundo Examinador

Professor Dr. José Luis Camargo Zambon
Terceiro Examinador

Professor Dr. João Carlos Bespalhok Filho
Presidente da Banca e Orientador

Dedico este trabalho aos meus pais
Manuel e Siluá pelo amor, incentivo
e exemplo de força e perseverança.

AGRADECIMENTOS

Longo foi o caminho até aqui, e muitas foram as pessoas que por ele passaram, algumas delas estiveram presentes o tempo todo, outras por apenas um breve momento, mas todas de alguma forma contribuíram para que eu completasse mais esta etapa.

Aos que contribuíram diretamente:

Ao meu orientador Prof. Dr. João Carlos Bespalhok, pela orientação, pelo bom humor, pela paciência de sempre e auxílio em todos os momentos.

Ao Co-orientador Prof. Edelclaiton Daros, sem o qual não teria dado início ao mestrado e pelo apoio.

Ao colega Hugo pela colaboração e aos colegas Ricardo e Edson pelo auxílio nas análises e pela grande paciência.

A Prof.ª Nilce e Valdo pelos ensinamentos valiosos.

A todos os demais professores da Pós-Graduação em Produção Vegetal pela dedicação e compromisso com a educação.

À funcionária Lucimara pelo profissionalismo e prestatividade de sempre.

Aos que contribuíram indiretamente, em especial:

A Deus que sempre iluminou meu caminho e colocou todos nos momentos certos, para que eu jamais desistisse.

Aos meus familiares pela compreensão e apoio, principalmente ao meu pai Manuel e ao meu irmão George pelo constante incentivo.

À minha segunda família, sem a qual não teria conseguido chegar até aqui.

Aos meus amigos-irmãos Simone, Jonas, Roberta, Suzana, Neide e Kelly, verdadeiros anjos em meu caminho.

Ao amigo Leonardo pelo incentivo e atenção nos momentos mais difíceis, mesmo longe.

As amigas, Silvia, Denize, Maria Edite e Marlei, Julliana, Flávia, Claudia, Elaine, Ana Lucia e Fabíula pelo incentivo, compreensão e apoio.

A todos os meus demais amigos pela compreensão.

A todos vocês muito obrigada!

RESUMO

A estimativa da divergência genética utilizando a análise multivariada possui elevada importância para os programas de melhoramento genético, pois pode fornecer parâmetros para a identificação de progenitores, que quando cruzados, possibilitem a obtenção de famílias superiores, onde poderá haver a seleção de maior número de clones promissores. Com base neste princípio este trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre 138 clones de cana-de-açúcar da série RB97 na fase T3, do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da UFPR mais duas variedades padrões, RB72454 e RB835486, em três diferentes localidades do Estado do Paraná, Paranavaí, Colorado e Iguatemi, através do uso da análise multivariada. O delineamento experimental foi o de Blocos de Federer, sendo cada bloco composto por 20 parcelas, contendo duas linhas de 5 metros cada, com duas repetições. Os caracteres avaliados foram número de colmos por parcela (NCP), massa média de dez colmos (M10), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP). A análise dos dados foi realizada através da metodologia REML/BLUP usando o aplicativo computacional Selegen–REML/BLUP). Para a análise da divergência foram utilizados o método da Distância Generalizada de Mahalanobis e o Método de Otimização de Tocher, que permitiu a divisão dos indivíduos em grupos de similaridade. O número de grupos formados foi quatro, seis e sete, para as localidades de Colorado, Paranavaí e Iguatemi, respectivamente. A dispersão gráfica dos clones e a avaliação da importância de cada caracter para a divergência genética total foi realizada através das Componentes Principais, sendo KBP e NCP os que mais contribuíram para a variação. Com base nos resultados da análise conjunta dos dados, recomenda-se o cruzamento entre os clones RB9750080, RB975112, RB975019, RB975153 e RB975067 com qualquer um dos clones RB975269, RB977533, RB975102, RB975317, RB975038.

Palavras-chave: análise multivariada, modelos lineares mistos, melhoramento de plantas, distância genética, *Saccharum* spp.

GENETIC DIVERGENCE BETWEEN SUGARCANE CLONES OF THE RB97 SERIES

ABSTRACT

The estimative of genetic diversity using multivariate analyses is important to breeding programs, supplying parameters to choose parents which crosses make possible to find superior genotypes beyond to increase variability. Based in these principles this work had the objective to estimate the genetic divergence from138 sugarcane clones from the RB97 series, in T3 phase of UFPR Sugarcane Breeding Program more two standards varieties, RB72454 and RB835486, in tree different localities: Paranavaí, Colorado and Iguatemi (PR), through the multivariate analyses. The experimental delineation was Federer block composed for 20 parcels with two rows of 5 meters each, with two replication. The analyses of data were carried through the REML/BLUP methodology using the software Selegen-REML/BLUP. The evaluated traits was stalk number per parcel (NCP), average weight of ten stalks (M10), average Brix, and weight Brix per parcel (KBP). The genetic divergence was evaluated by the Mahalanobis' Generalized Distance and Tocher's Method, which allowed the division of individuals in similarity groups. The number of groups was four, seven and six, to Colorado, Paranavaí and Iguatemi localities, respectively. The evaluation of each trait importance the total divergence was carried through Main Components, being KBP and NCP which had most contributed for the variation. Based on these results it is recommended the crossing between the clones RB9750080, RB975112, RB975019, RB975153 and RB975067 with the clones RB975269, RB977533, RB975102, RB975317 and RB975038

Key words: multivariate analyses, plant breeding, mixed linear models, genetic distance, *Saccharum* spp.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA 1 Fluxograma simplificado do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar do Centro de Ciências Agrárias/ Universidade Federal de São Carlos, adaptado de Matsuoka, Garcia e Arizono, 2005. (T1, primeira fase de seleção; T2, segunda fase de seleção; T3, terceira fase de seleção; FM, Fase de Multiplicação) 19

FIGURA 2 Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras componentes principais, CP1 e CP2, dos 138 clones de cana-de-açúcar mais as variedades padrões RB72454 e RB835486, em Colorado - PR 55

FIGURA 3 Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras componentes principais, CP1 e CP2, dos 138 clones de cana-de-açúcar mais as variedades padrões RB72454 e RB835486, em Paranavaí - PR 56

FIGURA 4 Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras componentes principais, CP1 e CP2, dos 138 clones de cana-de-açúcar mais as variedades padrões RB72454 e RB835486, em Iguatemi - PR 57

FIGURA 5 Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras componentes principais, CP1 e CP2, dos 138 clones de cana-de-açúcar mais as variedades padrões RB72454 e RB835486, nos três ambientes – análise conjunta 62

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 Clones da fase T3, série RB97 e variedades padrões utilizadas na avaliação da divergência genética 34

TABELA 2 Resultados da análise de deviance (ANADEV), individual e conjunta, dos 138 clones da série RB97, mais as variedades padrões RB835486 e RB72454 para os quatro caracteres avaliados em três ambientes no Estado do Paraná 42

TABELA 3 Relação dos quatro grupos de similaridade formados pelo Método de Otimização de Tocher, com base nos quatro caracteres avaliados, a partir de 138 clones de cana-de-açúcar mais duas variedades padrões, baseados no cálculo da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), em Colorado – PR 47

TABELA 4 Relação dos sete grupos de similaridade formados pelo Método de Otimização de Tocher, com base nos quatro caracteres avaliados, a partir de 138 clones de cana-de-açúcar mais duas variedades padrões, baseados no cálculo da Distância Generalizada de Mahalanobis, na Estação Experimental de Paranavaí em Paranavaí-PR 48

TABELA 5 Relação dos quatro grupos de similaridade formados pelo Método de Otimização de Tocher, com base nos quatro caracteres avaliados, a partir de 138 clones de cana-de-açúcar mais duas variedades padrões, baseados no cálculo da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), em Iguatemi – PR 49

TABELA 6 Relação dos nove grupos de similaridade formados pelo Método de Otimização de Tocher, com base nas quatro características avaliadas, a partir de 138 clones de cana-de-açúcar mais duas variedades padrões, baseados no cálculo da Distância Generalizada de Mahalanobis, nos três ambientes – análise conjunta 53

TABELA 7 Autovalores, correspondentes às percentagens de variação, explicadas pelas componentes principais, e coeficientes de ponderação associados aos quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), nos 138 clones e duas variedades padrões em Colorado – PR 58

TABELA 8 Autovalores, correspondentes às percentagens de variação, explicadas pelas componentes principais, e coeficientes de ponderação associados aos quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), nos 138 clones e duas variedades padrões em Paranavaí – PR 59

TABELA 9 Autovalores, correspondentes às percentagens de variação, explicadas pelas componentes principais, e coeficientes de ponderação associados aos quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), nos 138 clones e duas variedades padrões em Iguatemi – PR 60

TABELA 10 Autovalores, correspondentes às percentagens de variação, explicadas pelas componentes principais, e coeficientes de ponderação associados aos quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), nos 138 clones e duas variedades padrões nos três ambientes – análise conjunta 62

TABELA 11 Correlação genotípica (Rg) entre os quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), em Colorado – PR..... 64

TABELA 12 Correlação genotípica (Rg) entre os quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), em Paranavaí – PR 65

TABELA 13 Correlação genotípica (Rg) entre os quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), em Iguatemi – PR 66

TABELA 14 Correlação genotípica (Rg) entre os quatro caracteres avaliados; massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), na análise conjunta dos três ambientes 66

LISTA DE ANEXOS

Anexo 1 Relação dos 138 clones promissores da série RB97 mais duas variedades padrões, utilizadas na análise da divergência genética nos três ambientes e respectivos progenitores..... 82

Anexo 2 Relação de valores genotípicos dos 138 clones promissores da série RB97 mais duas variedades padrão para o caracter quilograma de Brix por parcela (KBP), nos três ambientes avaliados e na análise conjunta..... 84

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO 13
2 REVISÃO DA LITERATURA 15
2.1 CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA DA CANA-DE-AÇÚCAR 15
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO 16
2.2.1 Etapas do Programa de Melhoramento Genético 17
2.2.2 Escolha de Parentais 20
2.3 DIVERGÊNCIA GENÉTICA 22
2.4 MÉTODOS PARA A AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA 24
2.4.1 Marcadores Moleculares 24
2.4.2 Cálculo do Coeficiente de Parentesco 25
2.4.3 Análise Multivariada 26
2.5 UTILIZAÇÃO DE MODELOS MISTOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO 28
3 METODOLOGIA 31
3.1 OBTENÇÃO DOS CLONES 31
3.2 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL 32
3. 3 PLANTIO E COLHEITA 32
3.4 CARACTERES AVALIADOS 33
3.5 CLONES UTILIZADOS 33
3.6 ANÁLISE ESTATÍSTICA 34
3.6.1 Análise de Deviance 35
3.6.2 Modelo 74 - Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos) 35
3.6.3 Modelo 75 - Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos) em Vários Locais – Método MHPRVG 36
3.7 ANÁLISE MULTIVARIADA 36
3.7.1 Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) 37
3.7.2 Análise de agrupamento - Método de Otimização de Tocher 38
3.7.3 Divergência genética por Componentes Principais 39
3.8 INFORMAÇÕES COMPLEMENTARES 40
3.8.1 Clima 40
3.8.2 Solo 40
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO 41
4.1 ANÁLISE DE DEVIANCE 41
4.2 AGRUPAMENTO DE TOCHER 46
4.3 COMPONENTES PRINCIPAIS 54
4.3.1 Dispersão Gráfica 55
4.3.2 Contribuição dos caracteres para a divergência genética 58
4.4 COMPONENTES PRINCIPAIS – ANÁLISE CONJUNTA 61
4.5 CORRELAÇÃO ENTRE OS CARACTERES 63
5 CONCLUSÕES 67
6 RECOMENDAÇÕES PARA TRABALHOS FUTUROS 68
7 REFERÊNCIAS 69
ANEXOS 82

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma das mais importantes espécies cultivadas nos trópicos e subtrópicos (BONNETI *et al.,* 2004; MANNERS *et al.,* 2004). No Brasil possui elevada importância econômica e ambiental (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005), ocupando uma área total de 6,92 milhões de hectares, segundo dados da Companhia Nacional de Abastecimento da safra 2006/2007 (CONAB, 2007). A cadeia produtiva da cana-de-açúcar e de seus produtos e subprodutos, tais como açúcar e principalmente álcool, contribuem na distribuição de riqueza, além de ser fonte de energia líquida e renovável propiciando a redução da poluição ambiental (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

Atualmente o mercado da cana-de-açúcar apresenta-se em expansão devido principalmente ao aumento do consumo de álcool anidro, como forma de combustível, em substituição à gasolina, sendo possível acrescentar a este fato a maior preocupação com o meio ambiente e a redução das reservas mundiais de petróleo. A necessidade de suprir essa demanda crescente do mercado torna necessária a busca por melhores variedades de cana-de-açúcar, com maior produtividade, maior tolerância a pragas, doenças, intempéries climáticas, que respondam à adubação, reduzindo custos e mão de obra entre outras características.

Programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar como o do Centro de Tecnologia Copersucar (CTC), Instituto Agronômico de Campinas (IAC), e o da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), vêm desenvolvendo novas técnicas para obtenção e seleção destas variedades ao longo dos últimos anos e são os responsáveis pelos atuais índices de produtividade obtidos. Porém, mesmo com as inúmeras técnicas desenvolvidas, ainda existem poucas que possibilitem a escolha adequada de parentais, além do fato das variedades usadas como progenitores serem em sua maioria variedades comerciais e pré-comercias o que pode estreitar a sua base genética.

Neste sentido, o uso de métodos que possam auxiliar na escolha adequada dos genitores poderia ser empregado pelos programas de melhoramento, com a

finalidade de realizar cruzamentos entre parentais produtivos, complementares e divergentes para se obter maior efeito heterótico e maior variabilidade nas gerações segregantes, o que poderia aumentar a probabilidade de encontrar indivíduos superiores dentro desta população.

Dentre os métodos que podem auxiliar os melhoristas na escolha dos progenitores, podem ser citados informações sobre o coeficiente de parentesco, os métodos de análise multivariada e o uso de marcadores moleculares genéticos.

O cálculo do coeficiente de parentesco deve ser considerado com reserva, uma vez que é difícil conhecer toda a genealogia dos indivíduos, e a cana-de-açúcar não apresenta herança diplóide, uma das pressuposições exigidas para o cálculo (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005). Já os marcadores moleculares apresentam problemas pelo fato da cana-de-açúcar ter uma complexa genealogia além de ser uma técnica cara, o que a torna os custos muito altos, nos programas de melhoramento genético. Por sua vez os métodos de análise multivariada possuem a vantagem de não necessitarem de dados referentes à genealogia dos indivíduos avaliados, além de permitir para este cálculo o uso de caracteres de produtividade, já utilizados amplamente nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

A análise multivariada tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento com esta finalidade, porém a alta influência ambiental sofrida por caracteres quantitativos torna seus resultados menos precisos.

O uso de modelos lineares mistos tem sido utilizado com a finalidade de avaliar experimentos com dados desbalanceados e possui a vantagem de usar valores genotípicos ao invés de valores fenotípicos, promovendo resultados mais precisos.

Desta forma este trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre clones de cana-de-açúcar da fase T3 da série RB97 do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Paraná, através do método da análise multivariada associado ao uso de modelos lineares mistos; estimação de componentes da variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição de valores genéticos pela melhor predição linear não tendenciosa, REML/BLUP. O objetivo específico foi estimar a divergência genética através das metodologias de Distância Generalizada de Mahalanobis, Análise de Agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher e Componentes Principais.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA DA CANA-DE-AÇÚCAR

A cana-de-açúcar é uma planta perene em sua forma natural, pertencente à família *Poaceae*, tribo *Andropogoneae,* sendo que as variedades utilizadas atualmente são espécies e híbridos do gênero *Saccharum,* originado de diferentes locais - Nova Guiné, Índia, China, Japão e África (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

Embora por centenas de anos a maior parte do açúcar produzido tenha sido proveniente da espécie *Saccharum officinarum* (2n = 80), outras espécies do gênero foram usadas na produção comercial na Índia e China. Assim acredita-se que a cana-de-açúcar atualmente cultivada possui em maior ou menor parte a contribuição de *Saccharum robustum* Brandes e Jesweit ex Grassi (2n = 60-205), *Saccharum spontaneum* L. (2n = 40-128), podendo ser incluídas ainda *Saccharum barberi* Jesweit (2n = 81-124) e *Saccharum sinensi* Roxb (2n = 111-120). Embora faça parte do mesmo gênero a espécie *Saccharum edule* Hassk (60-80) não tem participação, sendo usada como vegetal pelos nativos da Nova Guiné (STEVENSON, 1965).

Além dos cruzamentos interespecíficos acredita-se que a cana-de-açúcar seja proveniente de um grupo de cruzamento bastante próximo, denominado de "Complexo Saccharum", que compreende diferentes gêneros, *Saccharum, Erianthus* sect. *Ripidium, Sclerostachya* e *Narenga*, podendo ser acrescidos *Miscanthus* sect e *Diandra* Keng (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005), hipóteses estas que têm sido testadas com o auxílio de marcadores moleculares e sequenciamento de DNA (HODKINSON *et al.,* 2002).

Estudos mais recentes indicam que a cana-de-açúcar plantada comercialmente é resultado de uma série limitada de cruzamentos e retrocruzamentos derivados das espécies domesticadas *Saccharum officinarum* L. e a espécie selvagem *Saccharum spontaneum*. O resultado deste processo é que as

canas usadas comercialmente são híbridos interespecíficos (obtidos do cruzamento de diferentes espécies) poli-aneuploides (com cromossomos duplicados ou ausentes), geralmente com o número de cromossomos acima de 100 (D'HONT *et al*., 1996; MANNERS *et al.,* 2004; HOARAU *et al.,* 2001; JANNOO *et al.,* 2004; CORDEIRO *et al.,* 2006). O genoma da cana-de-açúcar, com padrão genético de difícil análise é o responsável pela complexa herança apresentada por seus caracteres dificultando o seu melhoramento genético (TOMKINS *et al.,* 1999 e TEIXEIRA, 2006).

As variedades modernas de cana-de-açúcar têm uma origem complexa, sendo que as atualmente utilizadas em programas de melhoramento genético são híbridos de 6ª a 10ª geração, o que pode significar uma estreita base genética (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO

O melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil teve início no final do século XIX, devido ao aumento da preocupação do setor açucareiro tanto com a baixa produtividade e epidemias quanto com a qualidade das canas, o que permitiu um intercâmbio de tipos de canas entre donos de engenhos. Porém, a necessidade de pesquisa mais direcionada levou a criação das primeiras estações experimentais, permitindo a criação de novas variedades locais e uso de variedades introduzidas (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

Ao longo dos anos estes programas foram evoluindo chegando aos programas atuais de melhoramento genético, que fornecem inúmeras variedades, adaptadas a diferentes condições ambientais para todo país (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

Entre todos os programas criados ao longo dos anos dois dos principais são o da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA) e do Centro de Tecnologia Copersucar (CTC) (UNICA, 2007). Ainda podem ser citados os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar do Instituto Agronômico de Campinas (IAC), criado em 1892 (IAC, 2007) e da CanaVialis criado em 2003 (CANAVIALLIS, 2007).

O Programa de Melhoramento Genético da RIDESA teve início em 1992 com uma parceria entre o Ministério da Educação e do Desporto, mais sete Universidades (UFPR, UFSCar, UFV, UFRRJ, UFSE, UFAL e UFRPE), com a finalidade de incorporar as atividades do Extinto-Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (PLANALSUCAR). Atualmente, com a agregação de mais uma Universidade ao programa (UFG), ele possui 31 estações experimentais para o desenvolvimento da pesquisa, além dos campus das sete Universidades Federais, tendo liberado 65 novas variedades (RIDESA, 2007).

De acordo com o Censo Varietal realizado pelo CTC, em 2002, dos 3,9 milhões de hectares pesquisados no País 54% são cultivados com apenas seis variedades, sendo que essas são provenientes dos programas da RIDESA e do CTC (UNICA, 2007).

Todos os anos clones promissores são cruzados, produzindo sementes que são utilizadas para a produção de uma população de *seeddlings* ou plântulas. Estas plântulas são levadas a campo e após o desenvolvimento entram nas etapas de seleção (CALIJA *et al.*, 2001; RATTEY *et al.,* 2004).

A seleção é um longo e caro processo que consiste em um número determinado de etapas, sendo que esse número depende do programa de melhoramento (CALIJA *et al.*, 2001; RATTEY *et al.,* 2004). Em cada etapa são realizadas avaliações que permitem a identificação dos clones promissores, que passarão para a fase seguinte, sendo que apenas uma pequena porcentagem chega até as etapas finais (LANDELL *et al.,* 1999; CALIJA *et al.,* 2001; KIMBENG; COX, 2003).

Geralmente o tempo gasto entre a realização do cruzamento e a liberação comercial das variedades varia de acordo com o programa, indo de 12 anos a 15 anos (LANDELL *et al.,* 1999, CALIJA *et al.,* 2001; KIMBENG; COX, 2003).

2.2.1 Etapas do Programa de Melhoramento Genético

A primeira etapa, e uma das mais importantes é a de cruzamento, pois a variabilidade genética disponível para a seleção provém dele (CALIJA *et al.,* 2001).

A característica de cada etapa também varia de acordo com o programa de melhoramento. A Figura 1 exemplifica as etapas do Programa de Melhoramento Genético da RIDESA.

Todos os cruzamentos do programa da RIDESA são realizados na Estação de Cruzamentos da Serra do Ouro (Murici-AL). Após a obtenção das sementes, dos cruzamentos pré-estabelecidos pelas equipes das Universidades participantes, as mesmas são enviadas aos respectivos Estados, onde são produzidas as plântulas que, uma vez transplantadas para o campo, definem a primeira fase de seleção (T1) (RIDESA, 2007).

Nesta primeira etapa algumas Universidades realizam a seleção em dois períodos, abril e julho, com o objetivo de obter clones hiperprecoces (HP) e normais, respectivamente. A seleção é feita no segundo corte (soca), e realizada para características que mostram alta repetibilidade nas fases seguintes, sendo que cada planta é representada por uma touceira. Por este motivo são avaliados caracteres com alta herdabilidade como teor de sólidos solúveis (Brix), minimizando a possibilidade de descartar indivíduos superiores (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

Na segunda fase, T2, a seleção é feita em cana planta e soca, e cada genótipo (clone) é representado por uma linha de 7 metros e apenas uma repetição em blocos aumentados (18 clones e mais duas variedades padrões). Nesta fase são avaliados caracteres de produtividade como massa de 10 colmos e quilograma de Brix por parcela, sendo utilizados padrões comerciais como parâmetro (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

A fase T3 é realizada após uma fase de multiplicação, o que permite duas repetições em cada local, o delineamento é o mesmo da fase anterior. As avaliações são realizadas em cana planta e soca, sendo que também é avaliado quando possível a quantidade de açúcar (*pol*) além de resistência a doenças.

Os dados nessa fase (T3) são mais confiáveis devido ao maior número de repetições, por este motivo pode-se intensificar a seleção de caracteres mais sujeitos à influência ambiental como produção de colmos e açúcar por hectare, também sendo realizada a avaliação de estabilidade e adaptabilidade (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

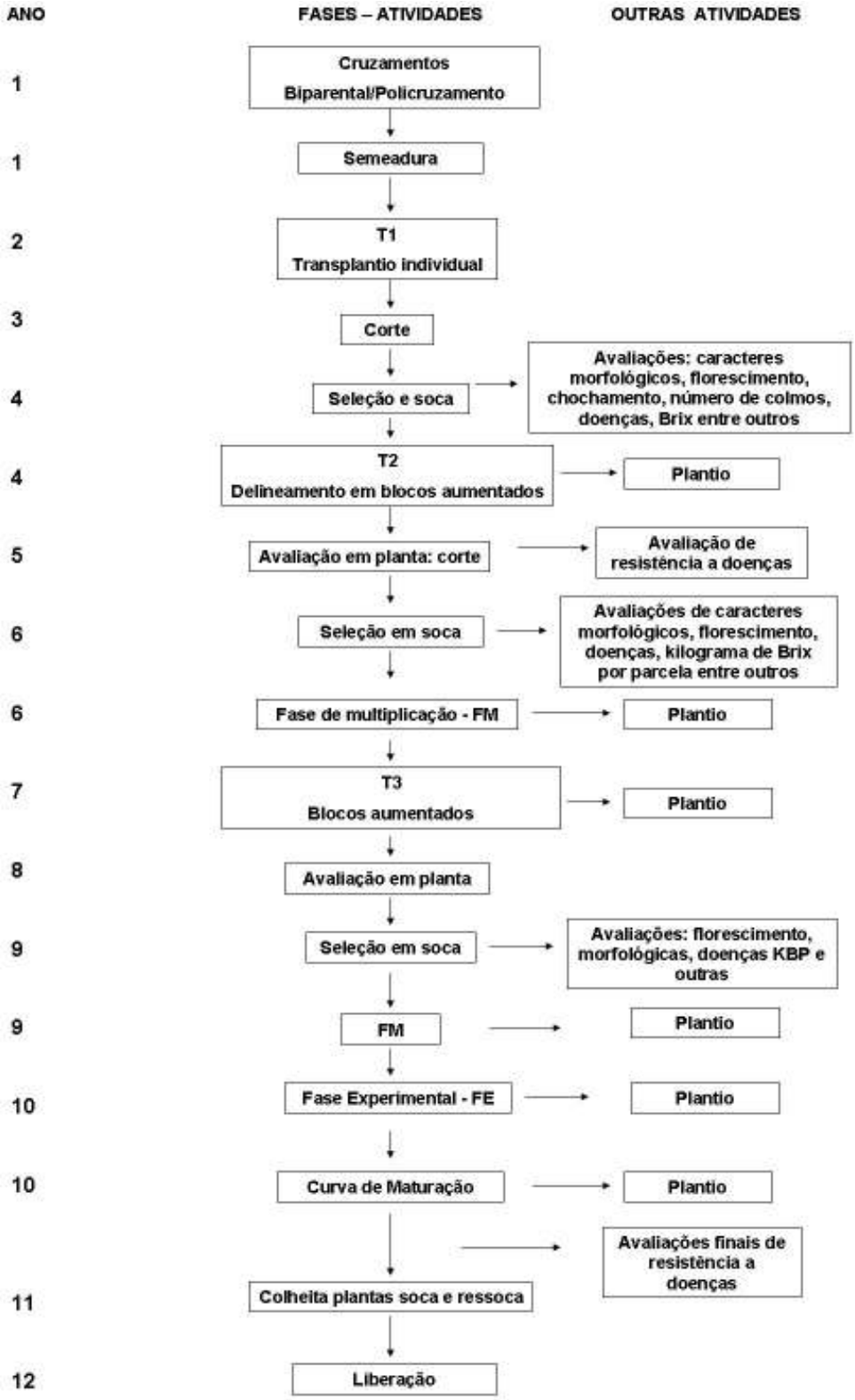

FIGURA 1 – FLUXOGRAMA SIMPLIFICADO DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-AÇÚCAR CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS/ UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS, ADAPTADO DE MATSUOKA, GARCIA E ARIZONO, 2005. (T1 – PRIMEIRA FASE DE SELEÇÃO; T2 – SEGUNDA FASE DE SELEÇÃO; T3 – TERCEIRA FASE DE SELEÇÃO; FM – FASE DE MULTIPLICAÇÃO).

Na etapa seguinte (fase de multiplicação – FM) os novos clones são multiplicados para poderem ser introduzidos nas usinas e destilarias, conveniadas com as respectivas Universidades que atuam nas diferentes regiões canavieiras do Brasil, durante a fase experimental (FE) (RIDESA, 2007).

Em FE são realizadas quatro repetições e o delineamento utilizado é o de blocos ao acaso. Os clones são avaliados em pelo menos três safras no mesmo local, seguido da avaliação em três épocas de colheita, que tem como objetivo adequar as futuras variedades ao período ideal de cultivo. Também é realizada nesta etapa a avaliação de adaptabilidade e estabilidade dos clones (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

A curva de maturação (CM) é realizada em uma área contígua ao experimento, com parcelas de três sulcos, em seis épocas de amostragem e duas repetições, as amostragens são realizadas em média a cada 30-40 dias. Também são realizadas avaliações de fibra da cana, *pol*, pureza e açúcares redutores (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005), para somente então as novas variedades serem liberadas.

Desta forma a grande quantidade de tempo que se leva para obtenção de uma variedade torna a escolha dos parentais uma das principais etapas dentro de um programa de melhoramento genético, pois é a partir deste que será gerada a variabilidade necessária para obtenção de clones produtivos e superiores (KIMBENG; COX, 2003).

2.2.2 Escolha de Parentais

Existem diferentes métodos para a escolha de progenitores, que podem ser adotados de acordo com o objetivo do programa de melhoramento (BORÉM; MIRANDA, 2005) e a escolha desses é um dos passos mais críticos nos programas de melhoramento genético (LANDELL *et al.*, 1999; BARBOSA, 2001; MIRANDA *et al.*, 2001; BASTOS *et al.*, 2003; BORÉM; MIRANDA, 2005; BONATO *et al.*, 2006).

O planejamento cuidadoso dos cruzamentos aumenta as chances de desenvolvimento de variedades superiores, pois maximiza a utilização de genes desejáveis (BORÉM; MIRANDA, 2005). Desta forma a grande preocupação na

escolha criteriosa das variedades a serem cruzadas, para que o êxito do programa não seja logo de início comprometido, é fundamental (CRUZ, 2001; MELO *et al.,* 2006).

A cana-de-açúcar é uma planta alógama de reprodução assexuada, desta forma, o objetivo dos cruzamentos é gerar variabilidade que permitirá a identificação de indivíduos superiores e produtivos que serão propagados tornando-se futuras variedades. Neste caso, o potencial genético é fixado desde a obtenção do clone, não sendo alterado ao longo das gerações (BORÉM; MIRANDA, 2005), enfatizando a importância da escolha dos pais.

A variabilidade genética em cana-de-açúcar vem de cruzamentos sexuais que podem ser simples ou biparentais, que utilizam apenas dois genótipos conhecidos; policruzamento, onde genitores se intercruzam e as sementes de todas as panículas são colhidas, impedindo a identificação da fonte de pólen; e polinização livre, sendo utilizadas sementes colhidas de plantas que crescem livremente (STEVENSON, 1965).

Os cruzamentos em cana-de-açúcar de forma geral já visam posterior seleção de indivíduos superiores, devendo-se escolher aqueles que já apresentem as características de interesse, com valores adequados, de modo que as populações obtidas tenham bom desempenho, e já tenham fixado estas características. Geralmente são utilizadas variedades comerciais e pré-comerciais, por já apresentarem genes de interesse (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO*,* 2005).

Segundo Barbosa (2001) da Universidade de Federal de Viçosa, a RIDESA, usa a metodologia do grau de parentesco no planejamento dos cruzamentos desde 1998, porém este apresenta algumas limitações que serão abordadas no próximo tópico, principalmente pelo uso de policruzamentos.

No geral os programas de melhoramento de plantas buscam utilizar em seus cruzamentos indivíduos divergentes, objetivando aumentar a variabilidade genética da geração segregante, e com isso também a probabilidade de identificar indivíduos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

2.3 DIVERGÊNCIA GENÉTICA

Toda a diferença entre os seres vivos baseia-se na diversidade genética que está codificada nos genes (KLACZKO, 2000), porém, apenas uma pequena porção da variabilidade genética total dentro de cada espécie é utilizada em plantas comerciais (WEI; RATTEY, 2003). Geralmente uma das primeiras preocupações de um melhorista é a existência de variabilidade genética no germoplasma (BORÉM; MIRANDA, 2005), que pode aumentar as chances de encontrar indivíduos superiores nas gerações segregantes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Em cana-de-açúcar a maioria das variedades hoje plantadas são híbridos provenientes dos programas de melhoramento brasileiros que usam preferencialmente as variedades nacionais como progenitores (BARBOSA, 2001).

O uso generalizado de variedades comerciais adaptadas ao sistema agrícola, frequentemente oriundos de ancestrais muito próximos, com pequena distância genética entre si, pode levar ao estreitamento da base genética e ao fenômeno genético denominado vulnerabilidade genética (ALMEIDA *et al*., 2005; BORÉM; MIRANDA, 2005). Assim, o conhecimento da diversidade genética, entre variedades comerciais em programas de melhoramento de plantas, é de vital importância para os melhoristas na identificação e organização dos recursos genéticos disponíveis, visando a utilização desses na produção de novas variedades promissoras (PALOMINO *et al.*, 2005).

Ainda hoje os melhoristas têm se baseado predominantemente, e com sucesso, numa base genética comum obtida no início do século, através de cruzamentos interespecíficos e retrocruzamento para *Saccharum officinarum* (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

No entanto, Ferreira *et al*. (2005b) mencionam que o uso de genitores com parentesco próximo pode estreitar a base genética trazendo perdas devido à depressão por endogamia. Em seu trabalho com cana-de-açúcar encontraram valores expressivos de depressão endogâmica para os caracteres toneladas de Brix por hectare (TBH), toneladas de colmo por hectare (TCH), comprimento, diâmetro e peso médio dos colmos em plantas obtidas por autofecundação.

Segundo Ronzelli Jr. (1999), tanto as autofecundações quanto os cruzamentos entre parentes (endogamia) conduzem para a homozigose, sendo a endogamia associada aos efeitos depressivos em razão do aparecimento de

características deletérias. Concordando com esta afirmação, outros autores também citam os efeitos negativos da depressão por endogamia em diferentes espécies (BISON *et al*., 2004; RODRIGUES *et al.*, 2001).

Para Ronzelli Jr. (1999), muitos desses caracteres recessivos deletérios encontram-se ocultados pelos alelos dominantes nas formas heterozigóticas, e aparecem após os cruzamentos endogâmicos ou entre parentes, e devem estar associados às espécies alógamas, que possuem significativo grau de heterozigose entre os indivíduos. Recomendando neste caso o uso de indivíduos não aparentados em cruzamentos, evitando estes efeitos indesejáveis.

Silva *et al*. (2005) estudaram a divergência de clones de cana-de-açúcar da série RB91, concluindo em seu trabalho que a base genética era bastante estreita, o que poderia causar baixos ganhos no melhoramento genético da cana-de-açúcar. Segundo esses autores, o uso de indivíduos divergentes geneticamente pode contribuir positivamente para o melhoramento genético da cana-de-açúcar.

O cálculo da divergência genética tem sido amplamente utilizado com o objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico, aumentando a possibilidade de encontrar genótipos superiores em suas gerações segregantes. Baseando-se em evidencias científicas, também é de grande importância no contexto da evolução das espécies, uma vez que prevê informações sobre recursos disponíveis e auxilia na localização e no intercambio desses (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Muitos trabalhos, com diferentes culturas, enfatizam a importância da divergência genética entre os indivíduos dentro de programas de melhoramento genético e na escolha de parentais com o objetivo de aumentar a heterose nas populações segregantes (CARPENTIERI-PÍPOLO *et al*., 2000; SILVA *et al*., 2001; SHIMOYA *et al.,* 2002; CARPENTIERI-PÍPOLO, SILVA; SEIFERT, 2003; MACHIORO *et al*., 2003; REGO *et al*., 2003; CRUZ *et al*., 2004; TEIXEIRA *et al*., 2004; ALMEIDA *et al*., 2005; CASTRO *et al.,* 2005; MOURA *et al.,* 2005; SUDRÉ *et al*., 2005). Esta metodologia também foi utilizada com sucesso, em variedades de melancia, onde permitiu a diferenciação entre plantas diplóides, triplóides e tetraplóides. Segundo os autores a metodologia poderia substituir, em muitos casos, o uso de marcadores moleculares e com isso reduzir os custos para o programa de melhoramento genético desta espécie (SOUZA; QUEIROZ, 2004; SOUZA; QUEIROZ; DIAS, 2005).

2.4 MÉTODOS PARA A AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA

Atualmente vários métodos podem ser utilizados no estudo da divergência genética, dentre eles os marcadores moleculares, o cálculo do coeficiente de parentesco e a metodologia de análise multivariada (MIRANDA *et al.,* 2001; BONATO *et al.,* 2006).

2.4.1 Marcadores Moleculares

O mais eficiente e mais moderno método de avaliação da divergência genética é, sem dúvida, o uso marcadores moleculares (BERED *et al.,* 2002). Para Borém e Caixeta (2006) a natureza poligênica dos caracteres de importância agronômica e a interação genótipo-ambiente constituem um dos maiores desafios do melhoramento, limitando o progresso genético. Sendo assim, novas tecnologias como a identificação e seleção baseada diretamente no genótipo do individuo pode resultar em maior progresso genético, o que poderia ser obtido pelo uso de marcadores moleculares, pelo fato destes basearem-se no DNA dos indivíduos.

Esta metodologia tem sido usada em diversas áreas da agricultura (BORÉM; CAIXETA, 2006) e muitos trabalhos enfatizam a sua eficiência, em soja (BONATO, *et al*., 2006), trigo (BERED *et al*., 2002), milho (CARVALHO *et al*., 2002), feijão (HAGIWARA; SANTOS; CARMO, 2001; CASTANHEIRA; SANTOS, 2004; PALOMINO *et al*., 2005), cacau (YAMADA *et al*., 2001; YAMADA *et al*., 2003; FALEIRO *et al*., 2004a; FALEIRO *et al*., 2004b; TEIXEIRA-CABRAL *et al.,* 2004; DIAS; ROCHA; PICOLO, 2005) entre outras.

Em cana-de-açúcar esta metodologia tem sido amplamente utilizada, no estudo da contribuição das espécies e gêneros na origem da cana-de-açúcar (ALIX *et al*, 1998; JANOO *et al.,* 2004; AITKEN *et al.,* 2007); na identificação dos genes e enzimas responsáveis por caracteres de importância agronômica (GRIVET; GLASZMANN; ARRUDA*,* 2001; MING *et al.,* 2001; AITKEN *et al.,* 2004; BONNETT *et al*., 2004; JORDAN *et al*., 2004); e também na divergência genética entre

variedades de *Saccharum spontaneum* (CHEN *et al*., 2004) e *Saccharum officinarum* (SCHENCK *et al*., 2004).

Porém, segundo Klaczko (2000) embora existam técnicas poderosas à disposição dos pesquisadores existem os limites de custo e de domínio da técnica. Soma-se a este fator a complexa herança genética da cana-de-açúcar (TOMKINS *et al.,* 1999; TEIXEIRA, 2006) e a dificuldade em utilizar a técnica de marcadores moleculares quando se avalia um grande número de indivíduos (MORAES *et al.*, 2005).

2.4.2 Cálculo do Coeficiente de Parentesco

O grau de parentesco também avalia a divergência genética, entretanto, com base na genealogia dos indivíduos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Barbosa (2001) em seu trabalho enfatiza a importância desta metodologia na identificação de indivíduos divergentes e menciona que este é usado desde 1998 no Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da RIDESA.

Segundo Peternelli[1] *et al.*, (2006, submetido à publicação), usando uma adaptação do programa livre R, para avaliar o grau de parentesco em cana-de-açúcar, a estimação do coeficiente de parentesco torna-se trabalhosa quando se dispõe de uma genealogia complexa com várias gerações, grande número de indivíduos e sobreposição de gerações.

Também, segundo os mesmos autores, deve-se ressaltar que não existem programas computacionais (até a data de seu trabalho) capazes de realizar esta análise para indivíduos poliplóides, como é o caso da cana-de-açúcar, sendo esta metodologia mais indicada em estágios iniciais dos programas de melhoramento em que as informações fenotípicas e moleculares das populações ainda são escassas.

---

[1] PETERNELLI, L. A. FERREIRA, F. M. ROCHA, R. B. BARROS, W. S. BARBOSA, M. H. P. Análise do coeficiente de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o *software* livre R. Submetido a publicação.

2.4.3 Análise Multivariada

Os métodos de Análise Multivariada tomam por base as diferenças morfológicas, fisiológicas, *etc.* apresentadas pelos progenitores na determinação da divergência, que é geralmente quantificada por uma medida de dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Esta metodologia parte do princípio de que quando se avalia a divergência de uma população baseada em valores fenotípicos médios, a divergência entre valores genotípicos associados com a freqüência gênica em diferentes unidades amostrais também é avaliada (SILVA *et al.*, 2001).

Métodos multivariados têm sido utilizados para estudos de divergência genética tanto intra como interespecífica para diversas espécies cultivadas. Estes métodos consistem em observações de diferentes organismos, a partir de diferentes variáveis utilizadas em conjunto (CHATFIELD; COLLINS, 1980).

Vários métodos multivariados podem ser aplicados, dentre eles citam-se a análise por Componentes Principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. Este último depende de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, como a distância Euclidiana ou a generalizada de Mahalanobis, entre outras (CRUZ, 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Já o método das Componentes Principais, e da Análise Canônica, o objetivo é avaliar a similaridade dos progenitores por intermédio de uma dispersão gráfica, em que se considerem, em geral, dois eixos cartesianos. Este método ainda permite estimar qual dos caracteres avaliados mais contribui para a divergência entre os materiais e também qual a correlação entre eles; proporcionando um melhor conhecimento sobre quais caracteres apresentarão maior variabilidade, também podendo auxiliar na escolha dos progenitores (CRUZ, 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

O interesse nesta avaliação reside na possibilidade de se descartarem caracteres que contribuem pouco para a discriminação do material avaliado, reduzindo, dessa forma mão-de-obra, tempo e custo despendidos na experimentação agrícola (REGO *et al.,* 2003; SOUSA-VIEIRA; MILLIGAN, 2005).

Embora as metodologias sejam diferentes, a das variáveis canônicas é considerada como mais precisa, pois leva em consideração a correlação entre os caracteres enquanto as componentes principais ignoram este fator (CRUZ, 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Muitos autores, usando esta metodologia, citam a eficiência da mesma no estudo da divergência genética como Peroni, Martins e Ando, (1999); Tai e Miller (2001); Ferrão *et al*., 2002; Shimoya *et al.* (2002); Azevedo *et al.* (2003); Viana *et al.* (2003); Souza (2005); entre outros. Miranda *et al*. (2001) avaliando a divergência genética em variedades de soja, comparando os resultados obtidos pela análise multivariada, coeficiente de parentesco e marcadores moleculares (RADP), constataram que todas as técnicas foram similares para separar variedades com a máxima divergência genética, porém os grupos formados por cada uma delas foram diferentes. Já Dias, Rocha e Picolo, (2005) compararam a eficiência das técnicas de análise multivariada com a de marcadores moleculares e concluiu que, embora somente os marcadores moleculares (RADP) discriminassem todos os cultivares de cacau avaliados, houve estreita relação entre as duas metodologias no estudo da divergência genética.

Silva *et al.,* (2005), analisando cinco variáveis em 122 clones de cana-de-açúcar da série RB91 do Programa de Melhoramento da RIDESA, mais sete exóticos, também confirmou a eficiência destes métodos. Obteve resultados semelhantes tanto para os cálculos de dissimilaridade, através da Distância Euclidiana e Distância Generalizada de Mahalanobis, quanto no agrupamento dos clones pelo método das variáveis canônicas e método de Otimização de Tocher. Conseguindo também, identificar quais as variáveis que mais contribuíram para a divergência genética dos clones.

Os mesmos autores também citam que foi verificada uma diferença no número de grupos formados de acordo com os ambientes onde foi realizado o estudo (19 em Campo Mourão e sete em Paranavaí), resultados estes explicados segundo o autor, pelo fato das variáveis analisadas serem de natureza quantitativa, as quais são amplamente influenciadas pelas variações ambientais.

Estas metodologias podem ser usadas facilmente através de programas computacionais, como o Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, GENES, desenvolvido por CRUZ (2001).

Entretanto, um dos grandes problemas encontrados na análise da divergência genética usando caracteres de produtividade é a influencia ambiental e a interação significativa entre genótipo e ambiente que os mesmos apresentam (SILVA *et al*., 2001; TEIXEIRA *et al*., 2004; CASTRO *et al*., 2005).

O uso de metodologias que auxiliem na identificação destas variações ou consigam minimizar a sua contribuição na divergência genética é de grande valia quando se utilizam estes tipos de caracteres. Uma destas metodologias é a análise REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor predição linear não tendenciosa) que permite a obtenção de valores genéticos e não fenotípicos além da possibilidade de trabalhar com dados desbalanceados (RESENDE, 2006).

2.5 UTILIZAÇÃO DE MODELOS MISTOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO

A experimentação de campo, geralmente, está associada ao desbalanceamento de dados que pode estar associado a vários fatores como perdas de plantas e parcelas; desiguais quantidades de sementes e mudas disponíveis por tratamento; diferentes números de repetições por experimento e diferentes delineamentos experimentais; não avaliação de todas as combinações genótipo-ambiente, dentre outros (RESENDE, 2006).

O uso da abordagem de modelos lineares generalizados mistos é tanto mais recomendada quanto maiores forem as diferenças entre as incidências da variável através dos níveis dos efeitos fixos. Pois, segundo a análise de dados desbalanceados provenientes de diferentes experimentos com diferentes sobrevivências, recomenda-se fortemente o uso de modelos lineares generalizados mistos, que permitem uma acurada predição de efeitos aleatórios e uma precisa estimação de componentes de variância (RESENDE, 2002).

Neste sentido o método de modelos mistos é um instrumento flexível para a estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos, pois pode ser aplicado a dados desbalanceados e provenientes de diferentes gerações (KALIL FILHO; RESENDE; KALIL, 2000). Na pior das hipóteses, tal procedimento conduz a resultados similares aos obtidos pela abordagem linear normal (FARIAS NETO; RESENDE, 2001; RESENDE, 2002).

Atualmente, o procedimento analítico padrão recomendado para os estudos em genética quantitativa e também para a prática da seleção em plantas – alógamas, autógamas, de sistema reprodutivo misto e de propagação clonal – é o método de modelos mistos, REML/BLUP, ou seja, a estimação de componentes da

variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição de valores genéticos pela melhor predição linear não tendenciosa (BLUP) (RESENDE *et al.* 2001; RESENDE, 2006).

A vantagem da utilização do procedimento REML/BLUP é que ele permite comparar indivíduos através do tempo e espaço, simultaneamente corrige os efeitos ambientais, estima componentes de variância e predição de valores genéticos, além de permitir o uso de estruturas complexas de dados, e poder ser aplicados a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. Se for comparado com os resultados obtidos pela ANOVA, verifica-se que as estimativas tendem a ser mais precisas para os componentes de variância e com isso, a predição de valores genéticos com maior acurácia (RESENDE, 2006).

Muitos trabalhos mostram a superioridade desta metodologia quando são utilizados dados desbalanceados, e diferentes espécies (KALIL FILHO; RESENDE; KALIL, 2000; FARIAS NETO; RESENDE, 2001; RESENDE *et al*., 2001; RESENDE; BARBOSA, 2006, ROCHA *et al*., 2006).

O Programa Computacional Selegen-REML/BLUP foi desenvolvido com o objetivo de permitir a análise de diferentes delineamentos experimentais usando modelos lineares mistos. Além de permitir a avaliação da divergência genética, permite a avaliação de um grande número de dados com grande precisão (RESENDE, 2006).

No cálculo da divergência genética o principal fator a ser mencionado nessa metodologia, é que nos modelos para Componentes Principais e Análise de Agrupamento são utilizados valores genéticos preditos, e não valores fenotípicos como realizado tradicionalmente. No caso das Componentes Principais, esta se equivale à metodologia das Variáveis Canônicas, uma vez que trabalhando com valores genéticos, a análise por Componentes Principais não necessita considerar a matriz de dispersão residual (como o faz a técnica de variáveis canônicas), pois a mesma já terá sido considerada por ocasião da predição dos valores genéticos (RESENDE, 2006).

Oliveira (2007) utilizando esta metodologia na avaliação de famílias em cana-de-açúcar obteve bons resultados na predição dos valores genotípicos e genéticos, das famílias e dos genitores. Usando o estudo da divergência genética entre os genitores, também concluiu que houve uma tendência das melhores famílias em produtividade de massa (TCH) e açúcar (TBH) serem provenientes de

cruzamentos entre indivíduos divergentes, enfatizando a importância do uso de valores genotípicos, obtidos pela metodologia REML/BLUP e da divergência genética no melhoramento genético da cana-de-açúcar.

3 METODOLOGIA

A análise da divergência genética foi realizada utilizando-se dados provenientes de experimentos de competição de clones promissores da série RB97, fase T3, do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR); realizados em três diferentes locais, no ano de 2005. Os locais onde foram realizados os experimentos são: Estação Experimental de Paranavaí, no município de Paranavaí, 52,5° longitude oeste e 23° latitude sul; município de Colorado, 52° longitude oeste e 22,9° latitude sul; município de Iguatemi, 52° longitude e 23,4° latitude sul, todos no Estado do Paraná.

3.1 OBTENÇÃO DOS CLONES

Os clones estudados foram provenientes de cruzamentos bi-parentais, realizados no ano de 1997, na Estação de Floração e Cruzamentos da Serra do Ouro (RIDESA/UFAL), no Município de Murici, Estado de Alagoas. Todos os indivíduos provenientes destes cruzamentos compõem a Série RB97.

As sementes provenientes desse cruzamento foram utilizadas na obtenção das plântulas ou *seedlings* que foram levadas para o campo, dando início a fase T1, como já exemplificado anteriormente, passando então para a fase de seleção T2.

Seguiu-se então a fase T3, em que os clones promissores foram plantados também em unidades produtoras localizadas em Colorado, Iguatemi e na Estação Experimental de Paranavaí, sendo nesta fase coletados os dados utilizados no presente trabalho.

3.2 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL

O delineamento experimental utilizado foi o de Blocos Aumentados ou Blocos de Federer (Federer, 1956) com duas repetições (Campo “A” e “B”). Cada bloco foi composto por 18 clones promissores da série RB97 mais duas variedades, RB72454 e RB835486 utilizadas como variedades padrões.

As unidades experimentais foram compostas por parcelas contendo dois sulcos de 5 metros, espaçados entre si por 1,40 m na localidade de Paranavaí, e 1,10 m nas demais localidades. Em Colorado e Iguatemi foi utilizada como bordadura para toda a área experimental a variedade RB72454, e na Estação Experimental de Paranavaí a variedade RB867515.

3. 3 PLANTIO E COLHEITA

O plantio dos clones foi realizado utilizando-se toletes contendo três gemas, de forma que em cada unidade experimental foram distribuídos 60 toletes, obtendo-se 18 gemas m^{-1} de sulco.

O plantio foi realizado no mês de maio de 2003 seguindo o método convencional para cana-de-açúcar. A adubação foi realizada na implantação utilizando-se 500 $kg.ha^{-1}$ da formulação comercial 04-25-25 (N-P-K), na proporção de 20 kg ha^{-1} de N, 100 kg ha^{-1} de K_2O e 100 kg ha^{-1} de P_2O_5; e, após o primeiro corte, foi realizada uma adubação de cobertura de 600 $kg.ha^{-1}$ da formulação comercial 20-00-20 (N-P-K), na proporção de 120 kg ha^{-1} de N e 120 kg ha^{-1} de K_2O.

A primeira colheita (cana-planta) foi realizada em maio de 2004 (dados não mostrados) e a segunda colheita (cana-soca) no mês de junho de 2005, de onde provêm os dados utilizados neste trabalho.

3.4 CARACTERES AVALIADOS

Os caracteres avaliados foram aqueles utilizados na seleção de clones da fase T3. São eles:

1. Número de colmos por metro (NCP): expresso em unidade, é a soma do número total de colmos presentes em uma parcela de 10 metros.
2. Massa de 10 colmos (M10): correspondeu à pesagem, em quilograma, de 10 (dez) colmos em cada parcela, colhidos aleatoriamente. Foi realizada coleta manual dos colmos, desponte próximo à folha +1 e a pesagem no local do experimento, sendo utilizado um suporte móvel com um dinamômetro acoplado.
3. Brix médio: expresso em porcentagem, obtido pela média da parcela útil. Realizou-se a extração do caldo da porção mediana do internódio e no terço médio dos perfilhos do colmo sadio e posteriormente, foi realizada a leitura com refratômetro de campo.
4. Produção de Brix por parcela (KBP): expressa em quilograma, calculado através do produto entre massa de um colmo, número de colmos por parcela e brix médio, seguindo a fórmula:

$$KBP = (M10 \times NCP \times Brix) / 10^{-3}$$

3.5 CLONES UTILIZADOS

Optou-se por utilizar apenas os clones cujos genitores eram conhecidos (cruzamentos bi-parentais – ANEXO 1) e repetidos nos três locais, para efeito de comparação dos dados. No total foram avaliados 138 clones da série RB97 da fase T3 do programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar da UFPR, mais as duas variedades comerciais usadas como padrão, RB72454 e RB835486 (TABELA 1).

TABELA 1 - CLONES DA FASE T3, SÉRIE RB97 E VARIEDADES PADRÕES UTILIZADAS NA AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA

1. RB975000	36. RB975073	71. RB975177	106. RB975293
2. RB975002	37. RB975078	72. RB975179	107. RB975294
3. RB975004	38. RB975079	73. RB975183	108. RB975298
4. RB975005	39. RB975080	74. RB975184	109. RB975299
5. RB975006	40. RB975081	75. RB975185	110. RB975317
6. RB975007	41. RB975083	76. RB975188	111. RB975323
7. RB975008	42. RB975086	77. RB975200	112. RB975329
8. RB975010	43. RB975087	78. RB975202	113. RB975337
9. RB975013	44. RB975088	79. RB975204	114. RB975338
10. RB975015	45. RB975089	80. RB975205	115. RB975339
11. RB975019	46. RB975090	81. RB975206	116. RB975345
12. RB975021	47. RB975092	82. RB975207	117. RB975350
13. RB975022	48. RB975094	83. RB975211	118. RB975353
14. RB975024	49. RB975100	84. RB975212	119. RB976300
15. RB975026	50. RB975101	85. RB975217	120. RB976306
16. RB975027	51. RB975102	86. RB975219	121. RB976310
17. RB975029	52. RB975103	87. RB975221	122. RB976311
18. RB975031	53. RB975108	88. RB975224	123. RB976315
19. RB975032	54. RB975111	89. RB975228	124. RB976317
20. RB975033	55. RB975112	90. RB975235	125. RB976319
21. RB975038	56. RB975114	91. RB975238	126. RB976320
22. RB975045	57. RB975115	92. RB975241	127. RB976324
23. RB975046	58. RB975151	93. RB975243	128. RB976328
24. RB975047	59. RB975153	94. RB975244	129. RB976331
25. RB975048	60. RB975157	95. RB975249	130. RB976336
26. RB975049	61. RB975163	96. RB975253	131. RB976338
27. RB975051	62. RB975164	97. RB975256	132. RB976339
28. RB975053	63. RB975165	98. RB975269	133. RB976341
29. RB975055	64. RB975166	99. RB975270	134. RB977529
30. RB975057	65. RB975169	100. RB975279	135. RB977533
31. RB975061	66. RB975170	101. RB975282	136. RB977534
32. RB975067	67. RB975172	102. RB975285	137. RB977543
33. RB975068	68. RB975173	103. RB975286	138. RB977619
34. RB975069	69. RB975174	104. RB975289	139. RB72454
35. RB975070	70. RB975175	105. RB975290	140. RB835486

3.6 ANÁLISE ESTATÍSTICA

A estimativa de componentes de variância e predição de valores genéticos foi realizada usando o procedimento REML/BLUP (melhor predição linear não tendenciosa/máxima verossimilhança restrita). Para a avaliação adotou-se o programa computacional Selegen - REML/BLUP.

A avaliação para cada ambiente foi realizada adotando-se o Modelo 74 do programa Selegen – REML/BLUP, de onde foi obtida a Análise de Deviance (RESENDE, 2006).

A análise conjunta dos três ambientes foi realizada utilizando-se o Modelo 75 do programa Selegen – REML/BLUP, também sendo obtida a Análise de Deviance (RESENDE, 2006).

3.6.1 Análise de Deviance

A análise de Deviance, também denominada de ANADEV é uma análise cujo objetivo é avaliar a significância dos efeitos do modelo estatístico no contexto da análise de modelos mistos por máxima verossimilhança residual (REML). Nesse sentido, é análoga à ANOVA, porém é adequada também ao caso de dados desbalanceados. A ANADEV baseou-se no teste da razão de verossimilhança (LRT) (Resende, 2006).

3.6.2 Modelo 74 - Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos)

Foi utilizado o seguinte modelo estatístico, para a avaliação dos clones promissores no delineamento de blocos aumentados para um ambiente, segundo Resende (2006):

$$y = Xf + Zg + Wb + e$$

Em que:

y: vetor de dados,

f: vetor dos efeitos assumidos como fixos,

g: vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),

b: vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios),

E: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X, Z e *W* = representam as matrizes de incidência para os efeitos de *f*, g, e *b*, respectivamente.

A seqüência de colunas no arquivo de dados para utilização do modelo é a seguinte: parcela, genótipo, média-geral, bloco, observações por parcela e variáveis.

3.6.3 Modelo 75 - Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos) em Vários Locais – Método MHPRVG

Foi utilizado o seguinte modelo estatístico, para a avaliação dos clones promissores no delineamento de blocos aumentados para vários ambientes, segundo Resende (2006):

$$y = Xf + Zg + Wb + Ti + e$$

Em que:

y: vetor de dados,

f: vetor dos efeitos assumidos como fixos (média de locais),

b: vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios),

g: vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),

I: vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e

E: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X, Z, W e *T* = representam as matrizes de incidência para os efeitos de *f*, g, *b*, e *i*, respectivamente.

A seqüência de colunas no arquivo de dados para utilização do modelo é a seguinte: parcela, genótipo, local, bloco, interação, observação por parcela e variáveis.

3.7 ANÁLISE MULTIVARIADA

A metodologia da Análise Multivariada foi realizada para estimar a divergência genética entre os caracteres baseada em valores genotípicos, e seguiu a seguinte ordem: medidas de dissimilaridade usando a Distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e posterior agrupamento dos indivíduos em grupos de similaridade utilizando o Método de Otimização de Tocher.

3.7.1 Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2)

Para a obtenção da distância generalizada de Mahalanobis foi utilizado o Modelo 104 do programa computacional Selegen – REML/BLUP, que segue a mesma metodologia descrita por Cruz (2001).

Segundo Cruz (2001) a distância generalizada de Mahalanobis, denominada D^2, é estimada por:

$$D^2_{ii'} = \sum_{J=1}^{m} \sum_{J'=2}^{m} w_{jj'} d_j d_{j'}$$

Onde:

m = número de caracteres

wjj' = elemento da j-ésima coluna da inversa da matriz de variância e covariância residuais entre os genótipos; e

dj = diferença entre as médias do j-ésimo caracter nas duas populações ou indivíduos considerados.

Assim a estatística D² é definida por:

$$D^2_{ii'} = \delta' \psi^{-1} \delta$$

Em que:

δ' = vetor – linha [d1, d2, ..., dn], sendo dj = Xij – Xij', para cada j:

ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais entre variáveis originais; e

δ = vetor – coluna... $\begin{vmatrix} d1 \\ d2 \\ dn \end{vmatrix}$, sendo dj = Xij–Xij', para cada j.

A distância generalizada de Mahalanobis pode ser estimada a partir das variáveis transformadas, sendo, neste caso, expressa de maneira análoga ao quadro da distância Euclidiana, ou seja:

$$D^2_{ii'} = \delta'/\delta = \delta'\delta = \sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2$$

Onde:

$Z_y = \frac{1}{r}\sum_k Z_{ijk}$ = média do i-ésimo progenitor em relação á j-ésima variável, com variância residual igual a um;

δ'/δ = matriz identidade (n x n) que expressa a matriz de dispersão entre as variáveis transformadas;

δ' = [d1d2 ...dn]

dj = Zij – Zi'j = diferença entre os progenitores i e i' em relação á j-ésima variável.

Esta metodologia fornece a matriz de dispersão que posteriormente é utilizada para reunir os indivíduos em grupos de similaridade utilizando-se a análise de agrupamento.

3.7.2 Análise de agrupamento - Método de Otimização de Tocher

O agrupamento dos indivíduos foi realizado com base no Método de Otimização proposto por Tocher (RAO, 1952), sendo utilizado o Modelo 104 do programa Selegen–REML/BLUP.

Este método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, no caso a obtida pelo cálculo da Distância Generalizada de Mahalanobis, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares. Estes formarão o grupo inicial, a partir daí são incluídos novos indivíduos ao grupo, ou são formados novos grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Com base nas distâncias estimadas, seguiu-se a formação dos grupos de similaridade, obedecendo a seguinte premissa:

Tendo-se os indivíduos k, i e j, a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dada por:

D(ij)k = dij + djk

A inclusão, ou não, do indivíduo k no grupo é feita considerando:

Se $\frac{d_{(grupo\ k)}}{n} \leq \theta$ inclui-se o indivíduo k no grupo.

Se $\frac{d_{(grupo\ k)}}{n} > \theta$ não inclui-se o indivíduo k não é incluído no grupo.

Sendo:

n: número de indivíduos que constitui o grupo original;

θ: valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo.

Desta forma são formados os grupos até o último individuo ser incluso, ou formar outro grupo.

3.7.3 Divergência genética por Componentes Principais

A avaliação da divergência genética foi realizada através do programa Selegen-REML/BLUP. O modelo adotado foi o 103, que realiza a análise por Componentes Principais baseada nos valores genotípicos (usando as correlações entre as variáveis e os componentes principais). Desta forma a análise por Componentes Principais é equivalente à técnica das Variáveis Canônicas, pois a matriz de dispersão residual já é considerada por ocasião da predição dos valores genéticos (RESENDE, 2006).

Neste modelo são fornecidos: matriz de covariância, matriz de correlação, valores genéticos padronizados, autovalores e autovetores, proporção da variabilidade explicada pelos autovalores, escores dos componentes principais, correlação entre as variáveis e os componentes principais.

Os gráficos de dispersão foram elaborados utilizando-se o programa Excel, sendo que os dados usados (escores) foram os obtidos previamente pelo programa Selegen–REML/BLUP.

3.8 INFORMAÇÕES COMPLEMENTARES

3.8.1 Clima

Segundo a classificação de Köppen o clima para todas as áreas é o Cfa, clima Subtropical Úmido (Mesotérmico), com temperatura média do mês mais quente superior a 22ºC e no mês mais frio inferior a 18ºC, sem estação seca definida, verão quente e geadas menos freqüentes (IAPAR, 1994).

3.8.2 Solo

O solo predominante nas regiões de Paranavaí (PR) e Colorado (PR) é o Latossolo Vermelho Escuro Distrófico e em Iguatemi é o Latossolo Vermelho Amarelo (PR) (EMBRAPA, 1999).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DE DEVIANCE

Os resultados da análise de deviance, individual e conjunta, realizada para os caracteres massa média de 10 colmos (M10), número de colmos por parcela (NCP), Brix e quilograma de Brix por parcela (KBP), avaliados nos três ambientes; em Colorado (PR), em Paranavaí (PR) e em Iguatemi (PR), estão apresentados na Tabela 2.

A análise de deviance (ANADEV) é similar à análise de variância (ANOVA), porém permitem a análise de dados desbalanceados (como ausência de repetições ou parcelas) com maior precisão dos componentes da variância e acurácia os valores genéticos em relação à ANOVA (RESENDE, 2006). Como o presente trabalho é composto por dados de diferentes locais, e avaliou-se a divergência apenas dos indivíduos com pais conhecidos e repetições nos três ambientes estudados, ou seja, os dados foram balanceados, a anadev se iguala a anova.

A análise de deviance revelou que há diferenças significativas entre os genótipos (clones da Série RB97), para quase todos os caracteres avaliados, em todos os locais (ambientes), para o nível de significância de 1%. Exceto para o caracter quilograma de Brix por parcela em Paranavaí, que foi significativo a 5% e em Colorado que não foi significativo (TABELA 2).

Essa evidência, somada a variância genotípica, indica que a condição é favorável à realização do melhoramento utilizando estas características, pois possibilita a discriminação de genótipos superiores com boa eficiência, devido à existência de variabilidade genética entre os genótipos testados (CARPENTIERI-PÍPOLO *et al.*, 2000; SHIMOYA *et al.*, 2002; FERREIRA *et al.,* 2005a; MELO *et al.*, 2006). Portanto, nestes casos, é possível promover ganhos consideráveis com a introdução destes indivíduos nos programas de melhoramento com a aplicação de

métodos adequados (SHIMOYA *et al.*, 2002 e MELO *et al.,* 2006). Também indicado que, devido à variabilidade genética entre os indivíduos da série analisada, é possível avaliar a divergência pelo método de análise multivariada.

TABELA 2 - RESULTADOS DA ANÁLISE DE DEVIANCE (ANADEV), INDIVIDUAL E CONJUNTA, DOS 138 CLONES DA SÉRIE RB97, MAIS AS VARIEDADES PADRÕES RB835486 E RB72454 PARA OS QUATRO CARACTERES AVALIADOS EM TRÊS AMBIENTES NO ESTADO DO PARANÁ

LOCAL	EFEITOS	CARACTER	X^2 (1)	Cvar (2)	Cdet (3)
Colorado	Genotípico	M10	21,56 **	1,66	0,34
		NCP	11,49 **	56,27	0,21
		Brix	10,23 **	0,36	0,22
		KBP	0,72 ns	1,43	0,05
	Bloco	M10	19,44 **	0,54	0,11
		NCP	21,33 **	35,85	0,13
		Brix	11,99 **	0,15	0,09
		KBP	20,54 **	4,11	0,15
Paranavaí	Genotípico	M10	18,91 **	1,70	0,35
		NCP	19,58 **	168,17	0,32
		Brix	59,93 **	0,84	0,52
		KBP	3,55 *	8,27	0,15
	Bloco	M10	0,29 ns	0,05	0,01
		NCP	0,01 ns	0,71	0,01
		Brix	25,67 **	0,16	0,10
		KBP	0,91 ns	1,20	0,02
Iguatemi	Genotípico	M10	21,99 **	1,43	0,28
		NCP	61,06 **	190,55	0,46
		Brix	72,99 **	0,75	0,57
		KBP	16,16 **	10,94	0,29
	Bloco	M10	26,60 **	4,11	0,14
		NCP	0,04 ns	1,28	0,01
		Brix	18,21 **	0,10	0,08
		KBP	7,14 **	2,22	0,06
Conjunta	Genotípico	M10	56,29 **	1,12	0,24
		NCP	52,92 **	99,88	0,25
		Brix	57,25 **	0,41	0,27
		KBP	18,91 **	5,00	0,12
	Bloco	M10	39,55 **	0,40	0,09
		NCP	3,30 *	8,13	0,02
		Brix	48,19 **	0,12	0,08
		KBP	19,07 **	2,57	0,06
	Interação	M10	5,14 *	0,38	0,08
		NCP	19,77 **	46,95	0,12
		Brix	22,63 **	0,24	0,16
		KBP	3,54 *	2,56	0,06

(1) X^2 - Qui-quadrado tabelado: 2,71 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (**) de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo.
(2) Coeficiente de variação
(3) Coeficiente de determinação

A variação entre os Blocos também foi significativa, a 1% de probabilidade, para a maioria dos caracteres e locais, demonstrando que houve influência ambiental nos resultados encontrados.

Dentro dos parâmetros genéticos, o estimado na análise de deviance foi a herdabilidade no sentido amplo, determinado pela razão entre a variância genotípica média e a variância fenotípica média ($h^2 = \sigma_g/\sigma_f$) (CRUZ, 2001). O valor da herdabilidade de cada caracter é representado na tabela de Deviance pelo coeficiente de determinação do efeito genotípico (Cdet). Para todos os caracteres a herdabilidade variou de acordo com o ambiente estudado.

Uma consideração importante, em relação aos valores de herdabilidade dentro de uma população, é de que populações formadas a partir de cruzamentos divergentes apresentam maior variabilidade genética, tendendo a mostrar maiores valores de herdabilidade (BORÉM; MIRANDA, 2005).

De acordo com Resende (2002), os valores de herdabilidade podem ser considerados como de baixo valor quando $h^2 < 0,15$, médio quando $0,15 < h^2 < 0,50$ e alto para valores de $h^2 > 0,50$.

A herdabilidade para o caracter massa média de 10 colmos foi igual a 0,34, 0,35 e 0,28, para Colorado, Paranavaí e Iguatemi, respectivamente. Esses valores são próximos aos encontrados por Ferreira *et al.* (2005b) (43%, ou 0,43), usando cultivares de cana-de-açúcar provenientes de cruzamentos biparentais; e Oliveira (2007) (44% ou 0,44) trabalhando com famílias de cana-de-açúcar, embora esse dado seja de herdabilidade no sentido restrito. Uma possível resposta para os médios valores encontrados para a herdabilidade está na afirmação de Rodrigues (1995), que a capacidade de acúmulo dos compostos de carbono produzidos nas folhas em cana-de-açúcar (que também representam o acúmulo de matéria seca) é definido geneticamente.

O caracter número de colmos por parcela apresentou uma alta amplitude de valores para a herdabilidade, sendo de 0,21 em Colorado, 0,31 em Paranavaí e 0,46 em Iguatemi, valores esses considerados como médios. Rodrigues (1995) cita que as características varietais definem o número de colmos por planta, porém esse caracter também apresenta influência ambiental. Com isso a variação nos valores de herdabilidade encontrados entre os locais podem ser devido a influencia ambiental, percebida pela interação significativa entre genótipo e ambiente.

O caracter Brix também apresentou alta variação, de 0,21, 0,52 e 0,56, para as localidades de Colorado Paranavaí e Iguatemi, respectivamente. Matsuoka, Garcia e Arizono (1999), Silva *et al.* (2002), Ferreira *et al.* (2005b), Leite, Peternelli e Barbosa (2006) e Melo *et al.* (2006) afirmam que este caracter apresenta alta herdabilidade, porém não mencionam uma elevada amplitude desses valores. As variações encontradas no presente trabalho são semelhantes às relatadas por Skinner[2] *et al.* (1987) citado por Matsuoka, Garcia e Arizono (1999; 2005), que fizeram uma extensa revisão sobre este assunto, com trabalhos de diferentes países, sendo que a herdabilidade variou de 27% (0,27) a 65% (0,65).

Para KBP os valores de herdabilidade também diferiram em relação aos ambientes. Em Iguatemi o valor foi de 0,29 enquanto em Colorado a herdabilidade foi extremamente baixa (0,05). Borém e Miranda (2005) afirmaram que valores de herdabilidade próximos de zero ou negativos ocorrem quando se estima um componente de variância de pequena magnitude associado a um grande erro experimental. Por sua vez Leite, Peternelli e Barbosa (2006) explicitam este resultado associando o mesmo aos fatores ambientais, pois quando a variação ambiental é muito grande, ou seja, o erro experimental é alto, há um aumento da variação fenotípica estimada, que acaba suprimindo a variação genética, resultando em baixos valores de herdabilidade. Desta forma, este valor baixo para a herdabilidade pode estar associado a uma área onde as características do solo eram heterogêneas, promovendo uma grande variabilidade nos resultados.

No geral, de acordo com Resende (2002), os valores de herdabilidade podem ser considerados de baixo a médio, para o caracter quilograma de Brix por parcela; médio para massa média de 10 colmos e número de colmos por parcela; e alto para o caracter Brix.

Sendo assim, de acordo com Melo *et al.* (2006), estes valores de herdabilidade também podem indicar que há variabilidade genética dentro da população estudada, justificando o estudo da divergência genética.

A análise conjunta dos ambientes também se encontra na Tabela 2. Pode ser observado, pelos valores de Qui-quadrado, que houve diferença significativa para a interação genótipo-ambiente, ou seja, houve influência do ambiente no resultado para todos os caracteres avaliados. Neste caso a variação ambiental pode

---

[2] SKINNER, J. C. Sugarcane breeding – in retrospect and prospect. In: Egan, B. T. (ed.) Proc. Conference of the Australian Society Sugar Cane Techs, p. 54-60, 1987.

não ser apenas devido às diferenças no solo como também na insolação, precipitação e temperatura, uma vez que se trata de três diferentes ambientes. Porém mesmo com todos estes fatores influenciando os resultados, estes permaneceram muito próximos aos obtidos nas análises individuais dos ambientes.

Em relação aos genótipos houve diferença significativa, o que indica boas condições para a seleção objetivando o melhoramento genético e também para a estimação da divergência genética (TABELA 2).

A herdabilidade para os caracteres número de colmos por parcela, massa média de 10 colmos e Brix foi média (0,24, 0,24 e 0,26, respectivamente), enquanto para KBP foi baixa (0,12). A variação ambiental pode ter sido maior uma vez que foi realizada a análise conjunta, o que propiciou valores mais baixos de herdabilidade em relação aos valores obtidos nas análises individuais, discordando com os resultados encontrados por Leite; Peternelli e Barbosa (2006). Esses autores encontraram valores maiores para a herdabilidade a medida que aumentava o numero de repetições de um para seis em seu experimento. O caracter número de colmos teve os valores de herdabilidade variando de 0,38 a 0,61; peso médio de colmos de 0,57 a 0,83; Brix de 0,34 a 0,53 e toneladas de Brix por hectare variando de 0,52 a 0,75, para uma e seis repetições respectivamente.

Barbosa *et al*. (2005) também encontraram valores de herdabilidade maiores na análise conjunta em relação à análise individual, trabalhando com três diferentes locais, discordando com os resultados obtidos no presente trabalho, embora estes autores tenham trabalhado com apenas uma repetição em cada local. Em seu trabalho o caracter número de colmos por parcela apresentou valores de herdabilidade variando entre 0,007 a 0,008, para a análise individual; enquanto na análise conjunta os valores variaram de 0,17 a 0,18. Já para o caracter peso médio dos colmos a herdabilidade individual variou de 0,03 a 0,06, e a obtida na análise conjunta entre 0,15 e 0,22.

Os valores médios de herdabilidade encontrados na análise conjunta também podem ser devido à baixa divergência genética dentro da população (BORÉM; MIRANDA, 2005), resultado esse que será avaliado com o uso da análise multivariada.

4.2 AGRUPAMENTO DE TOCHER

Os grupos formados por esta metodologia para as localidades de Colorado, Paranavaí e Iguatemi, estão representados nas Tabelas 3, 4 e 5, respectivamente.

Para determinar quão distante geneticamente uma população ou genótipo é de outra, são utilizados métodos que quantificam ou estimam a heterose permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (SUDRÉ, 2005).

Desta forma os métodos de agrupamento têm por objetivo a reunião dos indivíduos em grupos de modo que haja homogeneidade (pouca divergência ou distância) dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos (grande divergência ou distância). O método de agrupamento de Tocher é o mais comumente utilizado em programas de melhoramento genético e também o mais conhecido. Nele, indivíduos são agrupados de acordo com a matriz de dissimilaridade obtida pela Distância Generalizada de Mahalanobis ou outra matriz como, por exemplo, a distância Euclidiana. À medida que os grupos vão sendo formados ou expandidos, a matriz vai se reduzindo, até que finalmente, todos os indivíduos são incluídos nos grupos. O agrupamento é realizado de forma que a distância dos indivíduos dentro do grupo é menor que a distância entre indivíduos de diferentes grupos (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A formação dos grupos teve início com os dois indivíduos mais similares formando o primeiro grupo e a partir deles os demais indivíduos foram adicionados ao grupo ou formaram novos grupos de acordo com a metodologia proposta por Cruz; Regazzi; Carneiro (2004).

Neste trabalho, o número de grupos de similaridade formados por esta metodologia variou de acordo com os diferentes ambientes. Em Colorado foram formados quatro grupos de similaridade (TABELA 3), 96% dos indivíduos permaneceram no grupo 1, sendo que os demais grupos concentraram de 1 a 2% dos clones. Genótipos provenientes de um mesmo cruzamento permaneceram em grupos divergentes, como é o caso dos clones RB975217 (Grupo 4) e RB975179 (Grupo 1) ambos provenientes dos cruzamentos dos genótipos RB835486 com RB855113; ou ainda indivíduos de cruzamentos diferentes permaneceram no mesmo grupo e muito próximos geneticamente, como os clones RB975027 e RB975169, provenientes dos cruzamentos das variedades RB855206 com IAC49-131 e RB825548 com RB835486, respectivamente.

Os clones mais próximos foram RB975279 e RB975204 (provenientes de cruzamentos diferentes) com uma distância de 0,0482, enquanto os mais divergentes foram a testemunha RB72454 e o clone RB976306 com a distância de 86,25, segundo a Distância Generalizada de Mahalanobis (matriz 140 x 140 não apresentada).

Com base nos resultados obtidos pelo agrupamento de Tocher e no desempenho dos clones da referida série, poderiam ser indicados cruzamentos entre os clones mais divergentes e mais produtivos, pois segundo CARPENTIERI-PÍPOLO *et al*. (2000), a identificação de genótipos com base somente na divergência sem considerar o seu desempenho, pode não ser uma boa alternativa, sendo recomendado o uso de indivíduos divergentes com características agronômicas importantes. Sendo assim, recomenda-se o cruzamento bi-parental dos clones RB975217, RB835486, RB72454, RB976306 e RB975079 com os clones RB975038, RB975290, RB975299, RB975269 e RB975164, por serem os mais divergentes (TABELA 3) e os mais produtivos, de acordo com o caracter quilograma de Brix por parcela (ANEXO 2).

TABELA 3 – RELAÇÃO DOS QUATRO GRUPOS DE SIMILARIDADE FORMADOS PELO MÉTODO DE OTIMIZAÇÃO DE TOCHER, COM BASE NAS QUATRO CARACTERÍSTICAS AVALIADAS, A PARTIR DE 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS DUAS VARIEDADES PADRÕES, BASEADOS NO CÁLCULO DA DISTÂNCIA GENERALIZADA DE MAHALANOBIS (D^2), EM COLORADO - PR

Grupo	*Clones RB*
1	977534 976320 976324 975015 976331 975038 976319 975086 976328 976300 976311 975177 975019 975088 975057 976315 976336 976338 976310 975005 975007 975092 975087 975299 975151 975183 975205 975153 975185 977619 975021 975338 975350 975249 975207 975157 975188 975211 975175 975204 975253 975172 975279 975174 975228 975179 975294 975163 975345 975173 975241 975286 975219 975323 975285 975115 975244 975100 975243 975164 975081 975102 975221 975169 975238 975080 975111 975068 975166 975046 975053 975282 975112 975051 976339 975224 975114 975165 975269 975235 975290 975013 975202 975029 975184 975329 975170 975293 975298 975353 975101 975206 975317 975073 975289 975256 975061 975339 975200 975103 975270 975337 975212 975022 975070 975033 975024 975032 975089 975094 975026 977533 975000 977543 975004 975083 975031 975010 975006 975045 975002 975027 977529 975049 975008 976341 975047 975069 975048 975108 975055 975067 975078 975090 976317
2	976306 975079
3	835486 72454
4	975217

Em Paranavaí foram formados sete grupos (TABELA 4), sendo que 95% dos clones permaneceram no primeiro grupo e os demais grupos concentraram em

média 1 ou 2% clones cada um. A testemunha RB72454 que estava em um dos grupos mais divergentes em Colorado (grupo 3), ficou no grupo 1 em Paranavaí. Os clones mais próximos foram RB975174 e RB975100 (0,0654) e RB975114 e RB976311 (0,0654), enquanto os clones mais divergentes foram RB 976310 e RB975165 (79,8778), e RB975202 e RB975088 (79,8778).

Nesta localidade os resultados indicam que os melhores cruzamentos poderiam ser obtidos utilizando os clones RB975165, RB975102, RB835486, RB975070 e RB977619 com qualquer dos clones, RB975153, RB975317, RB5019, RB976339 ou RB975244, pois esses são os mais divergentes (TABELA 4) e produtivos (ANEXO 2).

TABELA 4 – RELAÇÃO DOS SETE GRUPOS DE SIMILARIDADE FORMADOS PELO MÉTODO DE OTIMIZAÇÃO DE TOCHER, COM BASE NAS QUATRO CARACTERÍSTICAS AVALIADAS, A PARTIR DE 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS DUAS VARIEDADES PADRÕES, BASEADOS NO CÁLCULO DA DISTÂNCIA GENERALIZADA DE MAHALANOBIS, NA ESTAÇÃO EXPERIMENTAL DE PARANAVAÍ – PARANAVAÍ, PR

Grupo	*Clones RB*
1	72454 975211 975205 975179 975298 975177 975244 975290 975169 975183 975185 975202 975293 975329 975249 975157 975188 975207 975338 975350 975172 975153 975204 975235 975228 975166 975170 975151 975174 975224 976339 976341 975061 975101 975269 975049 975007 977543 975083 975008 975078 975006 975002 975032 975000 975027 975238 975045 975339 975015 977533 977529 975092 975021 975026 975081 975219 975173 975285 975243 975212 975053 975048 975031 975067 975057 975005 975069 975115 975323 975108 975111 975112 975184 975241 975055 975068 975079 975033 975022 975029 975013 975004 975010 975221 975282 975270 975317 975353 975337 975299 975289 976336 976310 975047 975051 975046 975103 975100 975114 975024 975073 975217 975286 975345 975256 975253 975294 975164 976324 976331 976338 976315 976317 976319 976300 976328 976306 975038 975175 975206 975087 975090 977534 976320 975089 975086 975094 975019 976311 975200 975080 975279
2	975163 975088
3	977619
4	975070
5	835486
6	975102
7	975165

Em Iguatemi o número de grupos foi seis (TABELA 5), o primeiro grupo concentrou 92% dos clones enquanto os demais grupos concentraram de 1 a 2% dos clones. Os clones RB975217 e RB975179 permaneceram mais próximos em relação aos demais ambientes. Os clones mais próximos foram RB975317 e RB975207 (0,0461), RB977529 e RB975006 (0,0553) e os mais divergentes

RB975153 e RB975114 (79,7935) e RB975153 em relação ao clone RB975299 (67,9110).

Os cruzamentos mais indicados em Iguatemi são os dos clones RB975153, RB975031, RB975285, RB975019 e RB975090 com qualquer dos clones, RB975112, RB975279, RB975175, RB975033 e RB977619, por serem os clones mais produtivos (ANEXO 2) e mais divergentes (TABELA 5).

De forma geral os componentes (clones) dentro de cada grupo variaram de acordo com o local (ambiente), ou seja, não houve uma resposta padrão para a formação dos grupos nos diferentes ambientes. Este fator pode estar relacionado à interação genótipo ambiente que foi significativa, segundo a análise de deviance conjunta (TABELA 2). A formação dos grupos foi variável devido às diferentes respostas dos clones em relação ao ambiente em que foi instalado o experimento.

TABELA 5 – RELAÇÃO DOS SEIS GRUPOS DE SIMILARIDADE FORMADOS PELO MÉTODO DE OTIMIZAÇÃO DE TOCHER, COM BASE NAS QUATRO CARACTERÍSTICAS AVALIADAS, A PARTIR DE 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS DUAS VARIEDADES PADRÕES, BASEADOS NO CÁLCULO DA DISTÂNCIA GENERALIZADA DE MAHALANOBIS – IGUATEMI, PR

Grupo	*Clones RB*
1	977534 835486 975293 975207 975323 975027 975024 977543 975055 975029 975206 975238 975015 975217 975200 975163 975179 975157 975282 975270 975205 975279 975172 975286 975183 975289 977529 975338 975249 976315 975115 975244 975329 975083 975337 976324 975211 975170 975185 975173 975350 975053 975353 975184 976338 976328 976300 975317 975204 976336 975219 976320 975051 976311 975038 975000 975078 975111 975169 975094 975290 975151 975032 976317 975067 975221 975235 975080 975007 975002 975228 975010 975243 975033 975013 975005 975061 975108 975070 975212 975045 976331 976319 975102 975004 975073 976306 975202 976310 975049 975224 975177 975047 975256 975079 975006 975086 975298 976341 975021 975165 975175 977619 975294 977533 975164 975112 975269 976339 975100 975241 975088 975092 975022 975048 975339 975103 975046 975174 975057 975068 975253 975081 975345 975188 975101 975069 975166 975026
2	975089 975008 975087
3	975299 72454 975114
4	975153 975031
5	975285 975019
6	975090

Silva *et al.* (2001) também obtiveram valores diferentes em relação ao número de grupos de similaridade formados de acordo com o local, concluindo em seu trabalho que a interpretação da análise da divergência genética entre genótipos é frequentemente dificultada devido à não repetibilidade dos valores de divergência, pois o número e composição dos grupos podem variar de acordo com o número de

caracteres avaliados, interação de genótipo e ambiente e também com a variação ao longo dos anos.

Marchioro *et al.* (2003) trabalhando com caracteres de produtividade em aveia, analisando a genealogia dos genótipos estudados, afirmaram que a formação das classes não foi responsabilidade exclusiva das constituições genéticas, mas também pelo efeito do ambiente, estabelecendo a hipótese de que esse participou significativamente na expressão fenotípica. Teixeira *et al*. (2004) avaliando acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), Castro *et al.* (2005) usando acessos de metrasto (*Ageratum conyzoides),* Viana *et al.* (2006) estudando acessos de maracujá *e* Silva *et al.* (2005) trabalhando com cana-de-açúcar, também encontraram variação no número de grupos formados e componentes dentro da cada grupo de similaridade, de acordo com os ambientes em que avaliaram a divergência genética. Estes autores também usaram caracteres quantitativos embora tenham atribuído os resultados obtidos à interação genótipo-ambiente.

Embora o programa Selegen trabalhe apenas com valores genotípicos – significando maior confiabilidade dos resultados obtidos para divergência genética – a interação apresenta grande importância, uma vez que a maioria dos caracteres avaliados é quantitativa, ou seja, possui alta influência ambiental. Desta forma, resultados diferentes de acordo com o ambiente são esperados. Muitos autores mencionam a presença de interação entre genótipo e ambiente em cana-de-açúcar e a importância desta para melhoramento genético (JACKSON; MCRAE, 1998; LANDELL *et al.,* 1999; JACKSON; MCRAE; HOGARTH, 1995; CALIJA *et al.,* 2001; BRESSIANI; VENKOVSKI; BURNQUIST, 2002; MELO *et al*., 2006).

Outro fator a ser mencionado é que o número de grupos formados foi relativamente pequeno, sendo que a maioria dos indivíduos (92 a 96%) permaneceu em apenas um grupo, enquanto um número reduzido de indivíduos (4 a 8%) formou os demais grupos. Estes resultados são semelhantes aos encontrados por Silva (2001) que, estudando os clones da série RB91, encontrou um número reduzido de grupos e também apresentaram uma maior concentração dos clones no primeiro grupo (84 a 44%) nos dois ambientes estudados, resultados estes, segundo o autor, atribuídos à baixa divergência genética entre os clones da referida série.

Deve-se ressaltar que em etapas mais avançadas dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar já houve uma grande quantidade de indivíduos descartados e que a seleção é voltada para caracteres de interesse. Desta forma, os

indivíduos da Fase T3 são indivíduos mais próximos fenotipicamente devido às etapas anteriores de seleção, que alteram a média genotípica na direção desejada, o que pode explicar parcialmente o pequeno número de grupos formados. Porém, os resultados nesta fase são mais confiáveis, pois devido à multiplicação realizada nas etapas anteriores é possível ter maior número de repetições e, consequentemente, maior homogeneidade nos resultados obtidos. Uma possibilidade na identificação de indivíduos divergentes seria a utilização do estudo da divergência nas fases iniciais do programa, quando a seleção ainda não foi realizada, porém sem dados de repetição.

Também foi realizada a análise da divergência genética usando-se todos os ambientes juntos, desta forma, a análise passou a minimizar a influência do ambiente no resultado. Os resultados estão presentes na Tabela 6.

Foram formados nove grupos de similaridade, sendo que os integrantes de cada grupo variaram em relação aos resultados obtidos para os diferentes ambientes separados.

A maior porcentagem de indivíduos em um mesmo grupo foi 76%, no Grupo 1. Esse resultado é comum neste tipo de análise, onde os primeiros grupos concentram a maior parte dos indivíduos e os últimos grupos concentram menor número, como pode ser observado em vários trabalhos com diferentes culturas (SHIMOYA *et al.*, 2002; MARCHIORO *et al.*, 2003; CRUZ *et al.*, 2004; SUDRÉ *et al.*, 2005; MORAES *et al.*, 2005; CHIORATO *et al.*, 2005; VILELA *et al.*, 2005; e SOUZA; QUEIROZ; DIAS, 2005). Porém a alta porcentagem de indivíduos em apenas um grupo indica a baixa divergência encontrada.

Ao avaliar a formação dos grupos nesta análise, verifica-se que o número de grupos formados foi maior, o que permite uma melhor comparação entre os indivíduos em relação a sua origem (cruzamentos). Alguns dos indivíduos provenientes de cruzamentos diferentes como os clones RB975080 e RB975175, que tiveram como parentais RB735200 com RB855176 e RB835486 e RB825548, respectivamente; apresentaram a maior similaridade (0,0403), o que demonstra novamente uma baixa variabilidade genética.

Por outro lado, usando esta comparação é possível perceber que ainda há variabilidade genética entre os clones estudados, pois alguns indivíduos, que foram provenientes de um mesmo cruzamento (mesmo pai e mesma mãe), permaneceram em grupos bastante divergentes. Como exemplo tem-se o clone RB975008, que

permaneceu no grupo 9, e o clone RB975007, que permaneceu no grupo 1, ambos provenientes do cruzamento das variedades RB835019 e SP70-1143. Este resultado também pode ser atribuído à complexidade da herança genética na cana-de-açúcar que, sendo uma planta altamente heterozigótica, pode possuir alelos desfavoráveis que somente são expressos após algumas gerações de cruzamento entre indivíduos aparentados (FERREIRA *et al*., 2005b).

Neste caso também se deve atentar para o fato de terem sido utilizados poucos caracteres neste trabalho e em sua maioria caracteres quantitativos. Isto torna os resultados um pouco variáveis. Uma sugestão seria avaliar um número maior de caracteres, com menor influência ambiental, tentando tornar mais precisos os resultados obtidos. Entretanto Silva *et al.* (2001) mencionam que ao analisar a diferença genética para um determinado grupo de características, a divergência entre genes específicos, que pode estar ligada ou não a outros genes, também é avaliada.

Sendo assim, se o interesse do melhorista em um programa de melhoramento é selecionar indivíduos para ganho de produtividade, deve-se trabalhar com parentes divergentes para aqueles caracteres relacionados ao objetivo do programa. Esta afirmativa está baseada no fato de que em seu trabalho, sobre a divergência em berinjela em três fases de desenvolvimento, a composição dos grupos variou de um estádio para outro, sugerindo que a divergência entre acessos retrata somente a variabilidade existente nas características avaliadas para sua estimação, não permitindo extrapolações para outros caracteres.

No caso da cana-de-açúcar embora seja indicada a utilização de um maior número de caracteres, é preciso analisar a relevância da utilização dos mesmos, que devem possuir menor resposta às condições ambientais (não quantitativos), porém devem ser caracteres de importância para o melhoramento genético, uma vez que são eles que determinarão se o mercado absorverá esta nova variedade ou não.

Embora haja indícios de que há variabilidade genética entre os clones de cana-de-açúcar, o aumento dessa por cruzamentos divergentes deve ser usado, pois esses podem aumentar as chances de encontrar clones superiores e evitar futuros problemas com depressão por endogamia, como os observados por Ferreira *et al.* (2005b). Esses autores encontraram valores positivos para a depressão em alguns caracteres; toneladas de Brix por hectare, toneladas de colmos por hectare, comprimento, diâmetro e peso médio de colmos, avaliando diferentes formas de

cruzamento (policruzamento, autofecundação e cruzamentos bi-parentais). Segundo os mesmos autores, poucas pesquisas neste sentido têm sido realizadas nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil.

Com base nestas afirmações e na análise conjunta dos dados pode-se recomendar o cruzamento entre os clones RB975008, RB975112, RB975019 RB5153 e RB5067 com qualquer um dos clones RB975269, RB977533, RB975102 e RB975317 ou RB975038, pois estes representa os clones mais divergentes (TABELA 6) e mais produtivos (ANEXO 2).

TABELA 6 – RELAÇÃO DOS NOVE GRUPOS DE SIMILARIDADE FORMADOS PELO MÉTODO DE OTIMIZAÇÃO DE TOCHER, COM BASE NAS QUATRO CARACTERÍSTICAS AVALIADAS, A PARTIR DE 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS DUAS VARIEDADES PADRÕES, BASEADOS NO CÁLCULO DA DISTÂNCIA GENERALIZADA DE MAHALANOBIS, NOS TRÊS AMBIENTES – ANÁLISE CONJUNTA

Grupo	*Clones RB*
1	835486 72454 977534 976320 976324 975015 976331 976319 975086 976328 976300 976311 975177 976306 975057 976315 976336 976338 976310 975007 975092 975151 975183 975205 975185 975021 975338 975350 975207 975157 975188 975175 975204 975253 975172 975279 975174 975228 975179 975294 975163 975173 975241 975286 975323 975285 975115 975100 975243 975164 975081 975221 975169 975238 975080 975111 975068 975166 975046 975053 975282 975051 975224 975269 975235 975290 975013 975202 975029 975184 975329 975170 975293 975298 975101 975206 975073 975289 975256 975061 975339 975200 975103 975270 975337 975212 975022 975033 975024 975089 975094 975026 977543 975004 975010 975006 975045 975002 975027 977529 975049 976341 975047 975069 975048 975055 976317
2	975299 977619 975211 975345 975219 975079 975353 975000 975108 975078
3	975249 975165 975217 975031 975090
4	975088 975005 975087 975070 975032
5	975038 975244 975102 976339 975317 977533 975083
6	975114 975067
7	975019 975153
8	975112
9	975008

Outro fator a ser considerado é a importância da variabilidade genética, no sucesso de programas de melhoramento, mencionado por muitos autores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; SHIMOYA *et al.*, 2002; CARPENTIERI-PÍPOLO; SILVA; SEIFERT, 2003; CRUZ *et al.,* 2004; TEIXEIRA *et al.*, 2004; BONATO *et al.*, 2006; CHIORATO *et al.*, 2005; PALOMINO *et al.*, 2005; SUDRÉ *et al.*, 2005; VILELA *et al.*, 2005). Ferreira *et al.* (2005b) também mencionam que a freqüência de alelos favoráveis é tão importante quanto a heterose para decidir qual o melhor cruzamento a ser realizado, pois em seu trabalho comparando diferentes tipos de cruzamento, encontraram baixos níveis de depressão dentro das famílias, obtidas por

autofecundação da variedade RB72454, resultado este atribuído à provável alta freqüência destes alelos favoráveis.

Sendo assim, a melhor opção analisando-se os resultados encontrados com o agrupamento de Tocher para os clones de cana-de-açúcar da série RB97, recomenda-se reunir mais características importantes à divergência genética para a escolha de parentais em programas de melhoramento genético.

Também se recomenda o uso de técnicas mais precisas, como a de marcadores moleculares, que não apresentam resultados variáveis com a mudança das características ambientais e nem ao longo do tempo (BORÉM; CAIXETA, 2006), bem como por sua eficiência, enfatizada em muitos trabalhos, como o realizado por Schenck *et al*. (2004), Jannoo *et al.* (2004) e Jordan *et al.* (2004), usando marcadores RFLP; Alix *et al*. (1998), estudando PCR; Chen *et al.* (2004) com RADP; Ming *et al.* (2001) avaliando QTL; e Hoarau *et al.* (2001) trabalhando com AFLP.

4.3 COMPONENTES PRINCIPAIS

Os resultados da dispersão gráfica dos clones obtidos pelas Componentes Principais estão apresentados nas Figuras de 2 a 4.

A metodologia das componentes principais, além de permitir separar os indivíduos dentro de grupos de similaridade, fornece parâmetros para o descarte de caracteres que apresentam alta correlação entre si ou apresentam pouca influência na variabilidade (divergência) total entre os indivíduos (CRUZ, 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Essa metodologia ainda permite identificar os indivíduos similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais, porém tem a desvantagem em relação às variáveis canônicas de não levar em consideração as correlações residuais existente entre as médias dos indivíduos. Porém, como citado anteriormente, o programa Selegen-REML/BLUP trabalha com valores genéticos. Desta forma na Análise por Componentes Principais não necessita considerar a matriz de dispersão residual (como o faz a técnica de variáveis canônicas), pois a mesma já terá sido considerada por ocasião da predição dos valores genéticos. Portanto, o uso da

técnica de variáveis canônicas não se justifica quando se trabalha com valores genéticos preditos ao invés de médias fenotípicas (RESENDE, 2006).

4.3.1 Dispersão Gráfica

A dispersão gráfica dos escores (valores atribuídos aos clones, com base em todos os caracteres avaliados) e grupos de similaridade pode ser observada nas Figuras 2, 3 e 4. Os grupos formados na dispersão gráfica, número e componentes, são os mesmos encontrados pela análise de agrupamento de Tocher, uma vez que estes são utilizados na obtenção do gráfico.

Optou-se por não representar os números dos clones nos gráficos devido ao grande número de informações dentro da figura.

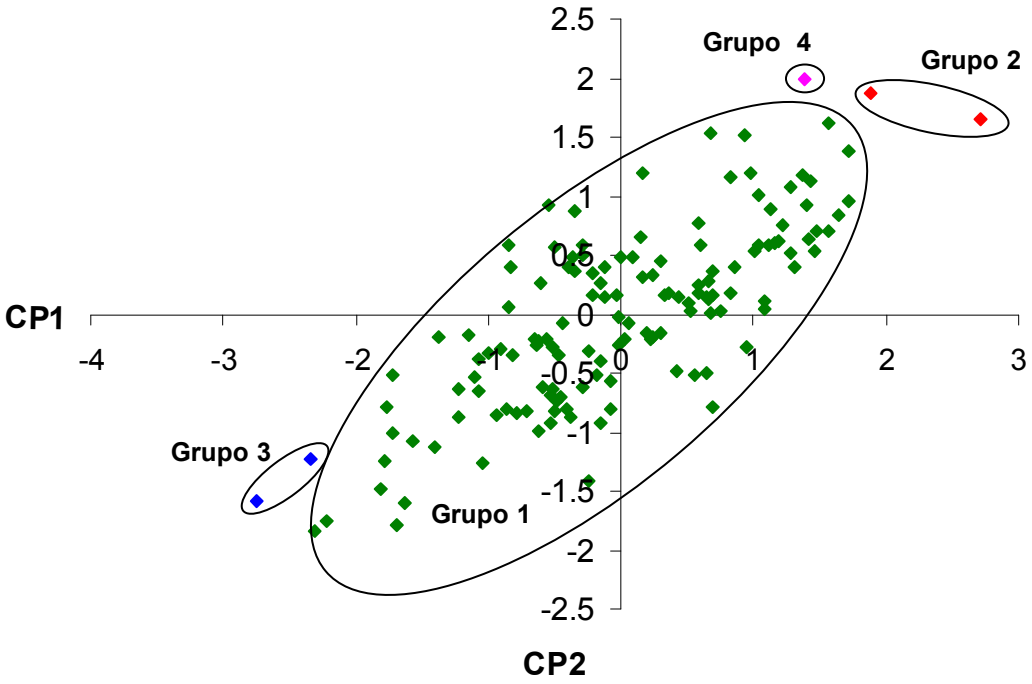

FIGURA 2 – DISPERSÃO GRÁFICA DOS ESCORES EM RELAÇÃO ÀS DUAS PRIMEIRAS COMPONENTES PRINCIPAIS, CP1 E CP2, DOS 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS AS VARIEDADES PADRÕES RB72454 E RB 835486, EM COLORADO

Como pode ser observado na Figura 2, em Colorado foram formados 4 grupos de similaridade utilizando-se as componentes principais. A dispersão gráfica fornece uma nova visão da divergência entre os indivíduos, quando comparada com o Método de Tocher, sendo mais simples a identificação dos indivíduos mais

dissimilares. Assim os indivíduos mais divergentes são aqueles que estão mais dispersos dentro do gráfico. Como exemplo pode-se utilizar o Grupo 2 em relação ao Grupo 4 que, conforme o gráfico está mais distante espacialmente, ou ainda o Grupo 3 em relação ao Grupo 2.

Com base na divergência genética seria interessante realizar os cruzamentos entre indivíduos de grupos diferentes com o objetivo de aumentar a heterose nas gerações segregantes e, consequentemente, aumentar a possibilidade de encontrar clones superiores. Porém, como mencionado anteriormente, deve-se associar outras características além da divergência na escolha dos parentais, como características de produtividade que já são frequentemente usadas e, demais parâmetros genéticos importantes.

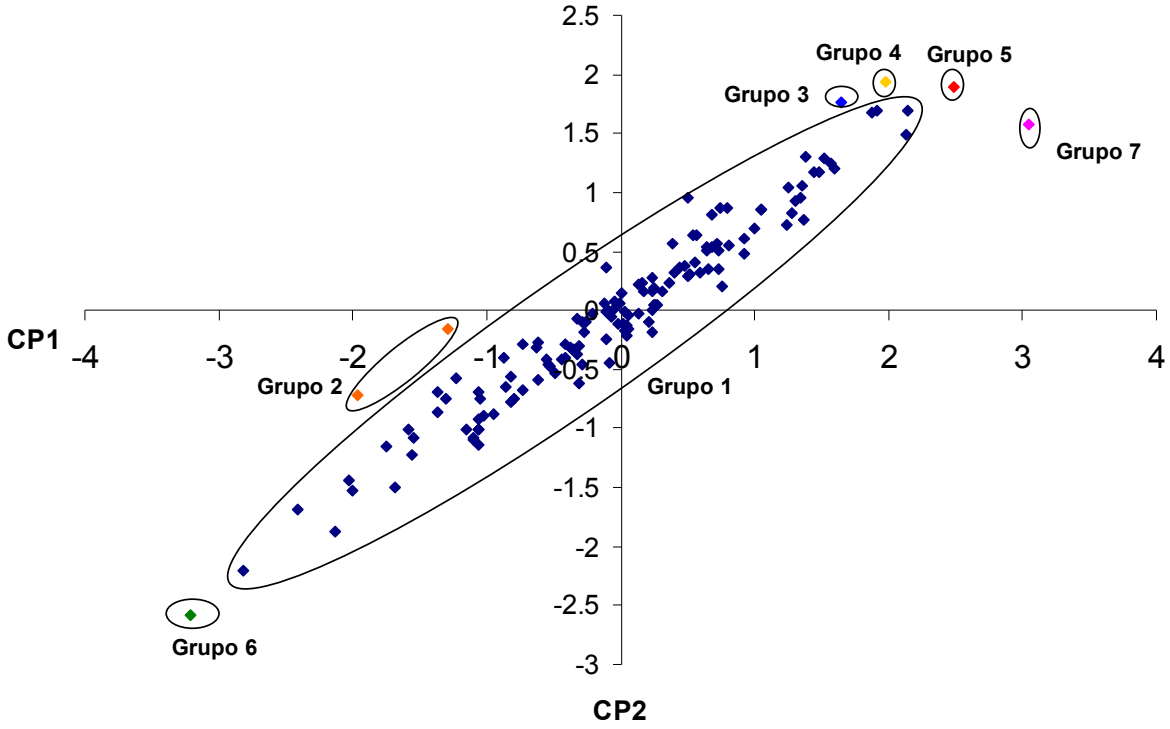

FIGURA 3 – DISPERSÃO GRÁFICA DOS ESCORES EM RELAÇÃO ÀS DUAS PRIMEIRAS COMPONENTES PRINCIPAIS, CP1 E CP2, DOS 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS AS VARIEDADES PADRÕES RB72454 E RB 835486, EM PARANAVAÍ

Em Paranavaí (FIGURA 3) o número de grupos formados foi sete. Assim como em Colorado, o gráfico de dispersão dos escores permite uma visualização diferenciada dos grupos formados e também em relação à distância entre os clones.

Em Paranavaí percebe-se visivelmente a maior dispersão dos clones, o que dificulta a formação dos grupos maiores. Novamente é possível verificar que a

divergência entre os grupos torna-se diferente quando observada na forma de gráfico. Desta forma poderia ser citado como grupos mais divergentes o Grupo 2 em relação aos grupos 5 e 6.

A distribuição espacial dos clones representada em Iguatemi (FIGURA 4) foi a que apresentou maior dispersão dos grupos, sendo formado seis ao todo. Embora tenham sido formados diferentes grupos de acordo com o ambiente analisado, pode-se verificar que a distribuição espacial dos grupos é semelhante em todos os gráficos.

Dentro deste ambiente os grupos mais dispersos são Grupo 3 em relação aos Grupos 8 e 5, Grupo 4 em relação aos Grupos 3 e 6, entre outros. Os cruzamentos podem ser realizados entre clones menos distantes também, desde que sejam de grupos diferentes, quando se deseja aumentar a variabilidade da geração segregantes.

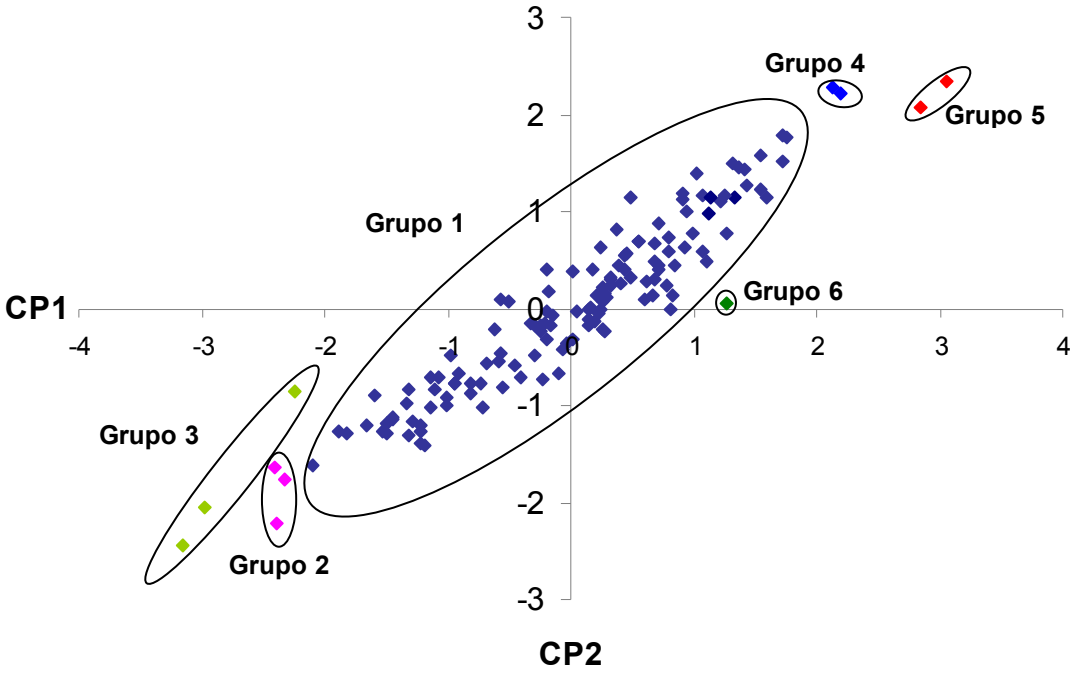

FIGURA 4 – DISPERSÃO GRÁFICA DOS ESCORES EM RELAÇÃO ÀS DUAS PRIMEIRAS COMPONENTES PRINCIPAIS, CP1 E CP2, DOS 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS AS VARIEDADES PADRÕES RB72454 E RB 835486, E IGUATEMI

Porém, fazer generalizações não é recomendado, uma vez que houve a formação de um pequeno número de grupos e não houve repetibilidade dos resultados obtidos por esta metodologia no estudo da divergência genética, pois os componentes variaram de acordo com o ambiente de estudo. Os indivíduos mais divergentes em uma localidade comportaram-se como pouco divergentes em outra,

enquanto outros que apresentaram baixa divergência em um local mostraram ser muito distantes geneticamente em outro local.

Com base nestes resultados pode-se inferir que há variabilidade genética entre os indivíduos estudados, porém esta é baixa. Ainda pode-se concluir que esta pode ser aumentada com o uso de pais divergentes, permitindo a exploração da heterose.

4.3.2 Contribuição dos caracteres para a divergência genética

Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro, (2004) a metodologia das Componentes Principais é considerada eficiente no estudo da divergência, quando alguns critérios são obedecidos. O primeiro critério é que as duas primeiras componentes expliquem pelo menos 80% da variação total encontrada. Sendo assim, a soma dos autovalores, representados pelos Autovalores Acumulados, deve ser maior ou igual a 80%. Pois este valor representa a distorção do gráfico quando este passa de multidimensional para bidimensional (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Quando este valor é superior 80% significa que a distorção provocada foi insuficiente para alterar a dispersão dos dados.

As duas primeiras componentes explicaram mais de 80% (98,07%) da variação total, em Colorado, como pode ser observado na Tabela 7. Esse resultado indica que a metodologia foi satisfatória no estudo da divergência dos clones de cana-de-açúcar, por meio da avaliação da dispersão gráfica dos escores em relação às 1ª e 2ª componentes principais.

TABELA 7 – AUTOVALORES, CORRESPONDENTES ÀS PERCENTAGENS DE VARIAÇÃO, EXPLICADAS PELAS COMPONENTES PRINCIPAIS, E COEFICIENTES DE PONDERAÇÃO ASSOCIADOS AOS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS 138 CLONES E DUAS VARIEDADES PADRÕES EM COLORADO - PR

Componentes Principais	**Autovalores Acumulados (%)**	*Coeficientes de ponderação associados à:*			
		M10	**NCP**	**Brix**	**KBP**
CP_1	98,07	- 4,7604	- 3,8945	- 1,4518	5,3153
CP_2	99,56	- 0,3993	- 0,4952	0,8259	0,6922
CP_3	99,98	1,0089	0,1938	- 0,0761	0,0181
CP_4	100	0,0831	1,0137	0,0432	0,0107

Na Tabela 7 também estão representados os coeficientes de ponderação associados a cada caracter, que identificam a importância relativa de cada um deles na variação total, ou seja, a contribuição para a divergência genética. Com base no princípio de que a importância relativa dos componentes principais decresce do primeiro para o último, tem-se que os caracteres que mais contribuem para a divergência são aqueles com maiores coeficientes de ponderação nas duas primeiras componentes principais, enquanto os últimos componentes são responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível e apresentam o maior valor absoluto na última componente principal (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Em Colorado os caracteres que menos contribuíram para a divergência genética foi número de colmos por parcela (1,0137), enquanto o que mais contribuiu foi quilograma de Brix por parcela (5,3153).

Os resultados das componentes principais para a localidade de Paranavaí estão na Tabela 8. As duas primeiras componentes principais explicaram mais de 80% (96,84%) da variação total, sendo satisfatória no estudo da divergência genética.

TABELA 8 – AUTOVALORES CORRESPONDENTES ÀS PERCENTAGENS DE VARIAÇÃO, EXPLICADAS PELAS COMPONENTES PRINCIPAIS, E COEFICIENTES DE PONDERAÇÃO ASSOCIADOS AOS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS 138 CLONES E DUAS VARIEDADES PADRÕES EM PARANAVAÍ - PR

Componentes Principais	**Autovalores Acumulados (%)**	*Coeficientes de ponderação associados a:*			
		M10	**NCP**	**Brix**	**KBP**
CP_1	96,84	- 4,7867	- 4,8012	-1,7302	6,1019
CP_2	99,31	- 0,8175	- 0,2256	0,7322	0,22041
CP_3	99,98	0,0522	- 0,5825	0,3585	0,9551
CP_4	100	0,0418	0,9961	0,0478	0,0266

Os coeficientes de ponderação associados aos caracteres indicaram que o que mais contribuiu para a divergência foi quilograma de Brix por parcela (6,1019), e o que menos contribuiu foi número de colmos por parcela (0,9961), resultado este igual ao encontrado em Colorado.

Na Tabela 9 estão os resultados encontrados na análise de Componentes Principais para a localidade de Iguatemi.

As duas primeiras componentes principais explicaram mais de 80% da variação total (94,98), para todos os ambientes em estudo, como pode ser

observado pelos autovalores acumulados. Novamente o caracter de maior importância foi quilograma de Brix por parcela (5,8187), e o de menor importância para a divergência total foi número de colmos por parcela (0,9747).

TABELA 9 – AUTOVALORES CORRESPONDENTES ÀS PERCENTAGENS DE VARIAÇÃO, EXPLICADAS PELAS COMPONENTES PRINCIPAIS, E COEFICIENTES DE PONDERAÇÃO ASSOCIADOS AOS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS 138 CLONES E DUAS VARIEDADES PADRÕES EM IGUATEMI - PR

Componentes Principais	**Autovalores Acumulados (%)**	*Coeficientes de ponderação associados a:*			
		M10	**NCP**	**Brix**	**KBP**
CP_1	94,98	- 4,0452	- 4,2024	-1,0556	5,8187
CP_2	99,36	- 0,5851	- 0,1358	0,8752	0,0648
CP_3	99,98	- 0,0131	- 0,9587	0,2542	1,2615
CP_4	100	0,0261	0,9747	0,0362	0,0323

A relação dos caracteres que mais contribuíram para a divergência genética foi o mesmo para todos os ambientes. Sendo assim, em ordem decrescente, os caracteres que mais contribuíram para a divergência foram quilograma de Brix por parcela, Brix, massa média de 10 colmos e número de colmos por parcela.

A baixa contribuição do caracter número de colmos por parcela para a divergência genética total, pode estar no fato de, segundo Machado *et al.* (1982), haver uma estabilização do canavial com aproximadamente 12 colmos por metro linear, com variações em torno deste número de acordo com a variedade, após seis a oito meses do perfilhamento. Essa baixa variação poderia explicar a pouca contribuição deste caracter na variabilidade total. Ainda segundo Leite, Peternelli e Barbosa (2006) o número de colmos é o mais estável dos componentes entre os caracteres e, também, muito importante para predizer ganhos esperados com seleção, ou seja, apresenta pouca variação em relação ao ambiente. Fato que também pode explicar a baixa contribuição deste caracter para a divergência total.

Este resultado foi diferente ao obtido por Silva *et al.* (2005), trabalhando com a série RB91 usando cinco caracteres, em que o caracter que mais contribuiu para a divergência foi número de colmos por parcela (NCP). O mesmo autor ainda afirmou que o caracter que menos contribuiu para a divergência total foi massa média de 10 colmos (M10), enquanto quilograma de Brix por parcela (KBP) foi também um dos que mais contribuíram. O resultado obtido no presente trabalho mostrou maior repetibilidade em relação à contribuição dos caracteres para a divergência genética total, pois o resultado foi o mesmo independente do ambiente em que esta foi

estudado, indicando que esse pode ser devido a superioridade da metodologia dos modelos lineares mistos em relação à abordagem linear normal.

O fato de o caracter KBP ter sido o que mais contribuiu para a divergência pode estar associado ao fato de este ser um caracter estimado a partir dos demais, concentrando assim toda a divergência.

Embora o caracter Brix, não tenha sido o que mais contribuiu para a divergência genética total, a sua inclusão nessa análise é fundamental, pois este é um dos caracteres de maior importância para a cultura da cana-de-açúcar, bem como o caracter massa média de 10 colmos, pois são responsáveis pela produção de açúcar por área.

4.4 COMPONENTES PRINCIPAIS – ANÁLISE CONJUNTA

Também foi realizada a análise conjunta dos dados utilizando as componentes principais, com o objetivo de desconsiderar o efeito do ambiente na análise.

Os dados estão presentes na Figura 5. Nesta figura também se optou por não colocar a referência de cada clone, sendo possível apenas identificar os diferentes grupos. Os resultados são semelhantes àqueles encontrados nos demais gráficos de dispersão, com pequenas diferenças. Percebe-se pelo gráfico que a dispersão dos dados é maior em relação à dispersão dos ambientes separados. Não sendo possível visualizar de forma clara os grupos 1, 2 e 3 dentro do gráfico.

Este resultado também permite identificar os grupos mais divergentes e sugerir cruzamentos para aumentar a variabilidade genética da população. Como exemplo têm-se os clones do grupo 7 que podem ser cruzados com os clones dos grupos 8 e 9; ou ainda os clones do Grupo 4 com os Grupos 7, 5, e 8, entre outros (FIGURA 5).

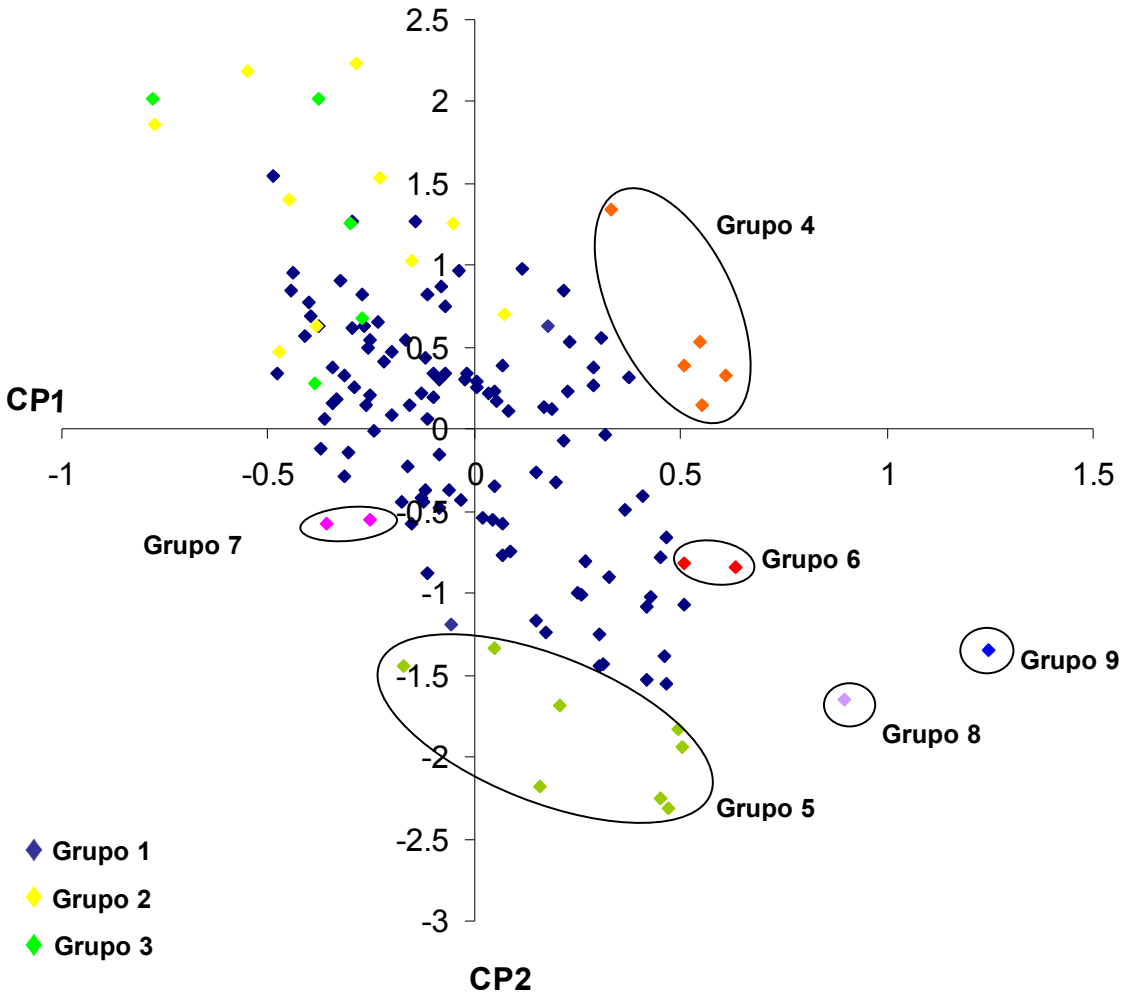

FIGURA 5 – DISPERSÃO GRÁFICA DOS ESCORES EM RELAÇÃO ÀS DUAS PRIMEIRAS COMPONENTES PRINCIPAIS, CP1 E CP2, DOS 138 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR MAIS AS VARIEDADES PADRÕES RB72454 E RB 835486, NOS TRÊS AMBIENTES – ANÁLISE CONJUNTA

Em relação à contribuição de cada caracter para a divergência genética, observou-se que em todas as análises (individuais e conjunta) o caracter que mais contribuiu foi quilograma de Brix por parcela (KBP) e o que menos contribuiu foi número de colmos por parcela (NCP).

TABELA 10 – AUTOVALORES, CORRESPONDENTES ÀS PERCENTAGENS DE VARIAÇÃO, EXPLICADAS PELAS COMPONENTES PRINCIPAIS, E COEFICIENTES DE PONDERAÇÃO ASSOCIADOS AOS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS 138 CLONES E DUAS VARIEDADES PADRÕES NOS TRÊS AMBIENTES – ANÁLISE CONJUNTA

Componentes Principais	**Autovalores Acumulados (%)**	*Coeficientes de ponderação associados à:*			
		M10	**NCP**	**Brix**	**KBP**
CP_1	96.62	- 5.2312	- 5.0783	-1.7255	6.2044
CP_2	99.41	- 0.9737	- 0.7058	0.6998	0.6940
CP_3	99.98	0.1016	- 0.6553	0.2067	1.0448
CP_4	100	0.0440	0.9909	0.0368	0.0316

Em relação ao caracter número de colmos por parcela, que foi o que menos contribuiu para a divergência genética (0.9909), não é recomendado seu descarte uma vez que sua estimativa é necessária para a composição do caracter quilograma de Brix por parcela, no caso deste ainda ser utilizado em novas análises, e ainda pelo fato de apresentar correlação negativa com o caracter massa média de 10 colmos, como será discutido posteriormente.

4.5 CORRELAÇÃO ENTRE OS CARACTERES

A importância do estudo da correlação entre caracteres está no fato de ser possível fazer a seleção indireta de um caracter de difícil acesso, com base na seleção de um caracter de fácil acesso, com o qual o primeiro tenha correlação significativa e positiva. Dificuldades surgem quando um caracter indesejável possui correlação positiva e significativa com um desejável, ou ainda quando ambos são desejáveis, porém possuem correlação negativa e significativa, ou seja, a seleção de um promove perda no outro (CARPENTIERI-PÍPOLO *et al.,* 2000).

Para a análise da divergência genética a correlação pode ser utilizada no descarte de caracteres, relacionando os coeficientes de ponderação associados aos caracteres com a correlação entre eles. Assim, se um caracter contribui pouco para a divergência genética e possui correlação positiva com outro caracter que contribui muito para a divergência, o primeiro pode ser descartado, reduzido assim mão-de-obra e custos nos programas de melhoramento genético (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Na análise da divergência genética esta metodologia geralmente é adotada objetivando-se reduzir o número de caracteres a serem avaliados. Porém grande parte dos trabalhos são realizados com acessos de bancos de germoplasma, onde os caracteres são utilizados como descritores, e não com caracteres de produtividade como no presente trabalho.

Cruz, Regazzi e Carneiro, (2004) afirmam que apenas a correlação genotípica envolve uma associação de natureza herdável, podendo ser usada em

programas de melhoramento genético, por este motivo esta foi a única correlação analisada neste trabalho.

Os valores de correlações genotípicas entre os caracteres estão presentes nas Tabelas 11, 12, 13 e 14.

TABELA 11 – CORRELAÇÃO GENOTÍPICA (RG) ENTRE OS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP) – EM COLORADO

Caracter	**Correlação Rg**		
	NCP	**Brix**	**KBP**
M10	- 0.2793	- 0.1360	0.6513
NCP		- 0.0018	0.4829
Brix			0.1258

Em todos os locais o caracter quilograma de Brix por parcela apresentou correlação positiva com os demais. Esse resultado era esperado uma vez que este caracter é dependente dos demais como mencionado anteriormente, porém como pode ser observada, a magnitude da correlação foi diferente de acordo com o caracter associado. A maior correlação observada foi entre os caracteres quilograma de Brix por parcela e massa média de dez colmos, seguido de número de colmos por parcela e por último Brix, exceto na localidade de Iguatemi onde a correlação foi maior entre quilograma de Brix por parcela e número de colmos por parcelas.

Silva *et al.* (2005) também encontraram correlação positiva para os mesmos caracteres em seu estudo sobre a divergência genética da série RB91, concluindo que plantas com maior número e massa de colmos tendem a promover uma maior produção de quilograma de Brix por parcela. Da mesma forma, Oliveira (2007) encontrou correlação positiva entre toneladas de Brix por hectare (caracter semelhante ao KBP) e os caracteres número de perfilhos por touceira (semelhante ao NCP), massa média de colmo (semelhante a M10) e Brix de 0,56; 0,49 e 0,28, respectivamente.

De acordo com a importância relativa dos caracteres, avaliado pelas componentes principais, seria recomendado o descarte do caracter número de colmos por parcela, pois este contribuiu pouco para a divergência genética. No entanto, o mesmo apresentou uma correlação negativa com o caracter massa média de 10 colmos, resultado este diferente aos encontrados por Silva *et al.* (2005), Silva *et al.* (2002) e Oliveira (2007). Em seu trabalho Reddy e Reddi (1983), relataram haver correlação negativa entre os referidos caracteres, sugerindo que a seleção

seja realizada unindo o caracter número de perfilhos com caracteres de produtividade, para evitar a seleção de clones com grande número de perfilhos e pouco produtivos. Neste sentido seria recomendada a manutenção de ambos os caracteres na avaliação da divergência.

TABELA 12 – CORRELAÇÃO GENOTÍPICA (RG) ENTRE OS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), EM PARANAVAÍ

Caracter	**Correlação Rg**		
	NCP	**Brix**	**KBP**
M10	- 0.2206	0.0425	0.6067
NCP		- 0.1197	0.5812
Brix			0.2022

O caracter Brix apresentou valores variáveis de correlação em relação ao caracter número de colmos por parcela, porém a média deste foi negativa em Colorado e Paranavaí, concordando com os dados obtidos por Silva *et al*. (2002), que obtiveram correlação igual a - 0,2103 para os referidos caracteres.

A influência do peso de colmos na concentração de Brix foi positiva para Paranavaí e Iguatemi e negativa para Colorado, valores estes próximos ao de – 0,1969 mencionado por Silva *et al.* (2002). Também coincide com a afirmativa de Jackson (2005) e Arif (2003) de que o caracter Brix apresenta correlação negativa com a produtividade de biomassa, ou seja, apresentaria correlação negativa com o caracter massa média de 10 colmos.

Jackson (2005) enfatiza a importância da utilização do caracter Brix na produção de açúcar por área, pois segundo ele, o baixo ganho genético para conteúdo de açúcar que tem sido obtido, é ocasionado pela seleção focada na produção de biomassa. Outro fator mencionado é que a maioria dos alelos favoráveis para o conteúdo de açúcar foi fixada nas atuais variedades e que, o efeito dos genes que contribuem para o nível de conteúdo de açúcar, é negativamente correlacionado com a produção de biomassa, sendo essencial a manutenção de ambos os caracteres na avaliação da divergência genética e demais avaliações realizadas em programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

TABELA 13 – CORRELAÇÃO GENOTÍPICA (RG) ENTRE OS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), EM IGUATEMI

Caracter	**Correlação Rg**		
	NCP	**Brix**	**KBP**
M10	- 0.0516	0.0758	0.6404
NCP		0.0547	0.6977
Brix			0.2526

Os resultados da análise conjunta (TABELA 14) foram semelhantes aos encontrados para os demais ambientes, podendo neste caso considerar as mesmas considerações.

TABELA 14 – CORRELAÇÃO GENOTÍPICA (RG) ENTRE OS QUATRO CARACTERES AVALIADOS; MASSA MÉDIA DE 10 COLMOS (M10), NÚMERO DE COLMOS POR PARCELA (NCP), BRIX E QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NA ANÁLISE CONJUNTA DOS TRÊS AMBIENTES

Caracter	**Correlação Rg**		
	NCP	**Brix**	**KBP**
M10	- 0.2901	- 0.1163	0.5588
NCP		0.0170	0.5801
Brix			0.1678

Sendo assim, não se recomenda o descarte de caracteres na análise da divergência genética de cana-de-açúcar. Ao contrário, sugere-se a inclusão de caracteres que possam melhorar a repetibilidade dos resultados obtidos para diferentes localidades, bem como possibilitem a melhor diferenciação entre os clones. Estes caracteres deverão ter importância para o melhoramento genético de cana-de-açúcar, sendo preferencialmente recomendado o uso de caracteres relacionados à produtividade e com alta herdabilidade.

5 CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos pela análise da divergência genética dos clones de cana-de-açúcar da fase T3, da série RB9, conclui-se que:

Há diversidade genética entre os clones avaliados, porém o baixo número de grupos formados indica que a base genética é restrita.

Há variação na composição dos grupos de acordo com o ambiente em que a divergência é avaliada.

Os clones mais divergentes em Colorado são o RB72454 e o RB976306; em Paranavaí o RB975165 e RB976310; em Iguatemi o RB975114 e o RB975153; e para todos os ambientes RB975008 e RB835486.

Os clones mais similares em Colorado são RB975279 e RB975204; em Paranavaí são RB975174 e RB975100; em Iguatemi são RB975317 e RB975207; e para todos ambientes RB975080 e RB975175.

Na análise por componentes principais houve concordância dos resultados para todos os ambientes estudados e também na análise conjunta em relação a contribuição dos caracteres para a divergência genética total, sendo que o caracter que mais contribuiu foi quilograma de Brix por parcela e o que menos contribuiu foi o número de colmos por parcela.

Há correlação positiva entre o caracter quilograma de Brix por parcela em relação os demais caracteres estudados. A correlação de Brix em relação aos caracteres número de colmos por parcela e massa média de 10 colmos variou de entre positiva e negativa de acordo com o ambiente em que foi avaliada. A correlação entre o caracter número de colmos por parcela e massa média de dez colmos é negativa.

6 RECOMENDAÇÕES PARA TRABALHOS FUTUROS

Com base nos resultados obtidos pela análise da divergência genética dos clones de cana-de-açúcar da série RB97 usando diferentes metodologias de análise algumas recomendações podem ser feitas.

A avaliação da diversidade genética poderia ser feita em fases onde a seleção foi menos intensa (como a fase T1), sendo mais útil na obtenção de indivíduos divergentes com o objetivo de aumentar a base genética.

Recomenda-se a inclusão de caracteres, com pouca influência ambiental e com importância para o melhoramento genético de cana-de-açúcar em novos estudos de divergência como, por exemplo, os carcteres tecnológicos *pol* e fibra; que possam tornar os resultados mais precisos. Ainda sugere-se a avaliação nos diferentes anos e fases do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Universidade Federal do Paraná, uma vez que os dados utilizados para a análise da divergência são os mesmos usados na avaliação dos clones promissores.

Recomenda-se também o uso de mais técnicas associadas à análise multivariada como, por exemplo, a avaliação da Capacidade de Combinação dos Progenitores indicados por esta metodologia em novos estudos com o objetivo de comprovar sua superioridade.

7 REFERÊNCIAS

AITKEN, K.; JACKSON, P.; PIPERIDIS, G.; MCINTYRE, L. QTL identified for yield components in a cross between a sugarcane (*Saccharum* spp.) varieties Q165A and a S. *officinarum* clone IJ76-514. In: 4th INTERNATIONAL CROP SCIENCE CONGRESS, Australia, 2004. **Anais…** Australia: The Regional Institute Ltd, 2004. Disponível em <www.cropsciense.org.au>. Acesso em 26/08/2007.

AITKEN, K. LI, J.; WANG, L.; QING, C.; FAN, Y. H.; JACKSON, P. Characterization of intergeneric hybrids of *Erianthus rockii* and *Saccharum* using molecular markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Australia, v.57, n.7, p.1395-1405, 2007.

ALIX, K.; BAURENS, F. C.; PAULET, F.; GLASZMANN, J. C.; D'HONT, A. Isolation and characterization of a satellite DNA family in the S*accharum* complex. **Genome**, Canada, v.41, p.854-864, 1998.

ALMEIDA, C. M. C. V.; DIAS, L. A. S.; OKABE, E. T.; MEDEIROS, J. R. P. variability in genetic resources of cacao in Rondônia, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5, p.318-324, 2005.

ARIF, M. **Genetic variability and yield components relationships in some early maturing sugarcane (*Saccharum* hybrid spp) genotypes.** Disponível em <http://www.hec.gov.pk/htmls/thesis/thesis_detail.asp?op=125> Acesso em 27/08/2007. Abstract.

AZEVÊDO, J. A. G.; PEREIRA, J. C.; CARNEIRO, P. C. S.; QUEIROZ, A. C.; BARBOSA, M. H. P.; FERNANDES, A. M.; RENNÓ, F. P. Avaliação da divergência genética de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Brasil, v.32, n.6, p.1431-1442, 2003.

BARBOSA, M. H. P. Study of genetic divergence in sugarcane varieties grown in Brazil using the parentage coefficient. **International Sugar Journal.** London, v.103, n.1231, 2001.

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

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

BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; ROCHA, M.; CARVALHO, F. I. F. Genetic variability in wheat (*Triticum aestivum* L.) germoplasm revealed by RADP markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.2, n.4, p.499-506, 2002.

BISON, O.; AGUIAR, A. M.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P. Inbreeding depression in *Eucalyptus* clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.4, p.459-464, 2004.

BONATO, A. L. V.; CALVO, E. S.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; GERALDI, I. O. Prediction of genetic variability through AFLP-based measure of genetic distance in soybean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.6, p.30-39, 2006.

BONNETT, G.; CASU, R.; RAE, A.; GROF, C.; GLASSOP, D.; MCINTYRE, L.; MANNERS, J. Identification of genes contributing to high sucrose accumulation in sugarcane. In: 4TH INTERNATIONAL CROP SCIENCE CONGRESS, Austrália, 2004. **Anais…** Australia: The Regional Institute Ltd, 2004. Disponível em <www.cropsciense.org.au>. Acesso em 26/08/2007.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores Moleculares.** Viçosa, 2006, 374p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4ª Edição. Viçosa: Editora Universitária, 2005, 525p.

BRESSIANI, J. A.; VENCOVSKY, R.; BURNQUIST, W. L. Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.1, p.1-10, 2002.

CALIJA, V.; HIGGINS, A. J.; JACKSON, P. A.; BIELING, L. M.; COOMANS, D. An operations research approach to the problem o the sugarcane selection. **Annals of Operations Research**: Netherlands, v.108, p.123-142, 2001.

CANAVIALIS – **Melhoramento Genético**. Disponível em <http://www.canavialis.com.br/melhoramento.html>. Acesso em 27/09/2007.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C.; GONZALES, M. G. N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; SILVA, F. A. M. Seleção de genótipos parentais de

acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p. 1613-1619, 2000.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SILVA, F. A. M.; SEIFERT, A. L. Popcorn parental selection based on genetic divergence. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.3, n.4, p. 261-268, 2003.

CARVALHO, V. P.; RUAS, P. M.; RUAS, C. F.; FERREIRA, J. M.; MOREIRA, R. M. P. Assessment of genetic diversity in maize (*Zea mays* L.) landraces using inter simple sequence repeat (ISSR) markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.2, n.4, p.557-568, 2002.

CASTANHEIRA, A. L. M.; SANTOS, J. B. RADP markers assessment of self-pollinated inbreeding methods for common bean segregant populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.4, p.1-6, 2004.

CASTRO, H. G.; SILVA, D. J. H.; OLIVEIRA, L. O.; FERREIRA, F. A.; SAKIYAMA N. S.; RIBEIRO JUNIOR. J. I. stability of genetic divergence among five mentrasto accessions in two environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5, p. 333-339, 2005.

CHATFIELD, C.; COLLINS, A.J. **Introduction to multivariate analysis**. London: Chapman & Hall, 1980 246p.

CHEN, H.; FAN, Y.; CAI, Q.; ZHANG, Y. Research on genetic diversity and phylogeny of *Saccharum spontaneum* L. in China. In: 4TH INTERNATIONAL CROP SCIENCE CONGRESS, Austrália, 2004. **Anais…** Austrália: The Regional Institute Ltd, 2004. Disponível em <www.cropsciense.org.au>. Acesso em 26/08/2007.

CHIORATO A. F.; CARBONELL, S. A. M.; COLOMBO, C. A.; DIAS, L. A. S.; ITO, M. F. Genetic diversity of common bean accessions in the germplasm bank of the Instituto Agronômico – IAC. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5, p.1-9, 2005.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB) **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. Disponível em <http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/2lev-cana.pdf>. Acesso em 03/10/ 2007.

CORDEIRO, G. M.; ELIOTT, F.; MCINTYRE, C. L.; CASU, R.E.; HENRY, R.J. Characterization of single nucleotide polymorphisms in sugarcane ESTs. **Theoretical and Applied Genetics**, Germany, v.113 n.2 p.331-43, 2006.

CRUZ, C. D. **Programa Genes:** aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, 2001, 442p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ª Edição. Viçosa: Editora UFV, 2004, 460p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético**. 1ª Edição. Viçosa: Editora Universitária, 1997, 390p.

CRUZ, P. J.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; SILVA, J. A. G.; VALÉRIO I. P.; HARTWIG, I.; BUSATO, C.C. Genetic dissimilarity among wheat genotypes for lodging-associated traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.4, p. 427-433, 2004.

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J. C.; RAO, S.; BERDING, N. Characterization of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. **Molecular and General Genetics**, Berlin, v.250, n.4 p.405-413, 1996.

DIAS, L. A. S.; ROCHA, R. B.; PICOLO, E. A. T. Distinctness of cacao cultivars using yield component data and RADP markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5, p. 47-54, 2005.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – (Embrapa). **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 1999, 412p.

FALEIRO, A. S. G.; FALEIRO, F. G.; LOPES, U. V.; MELO, G. R. P.; MONTEIRO, W. R.; YAMADA, M.M.; BAHIA, R. C. S.; CORRÊA, R. X. Variability in cacao selected by producers for resistance to witches' broom base don microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.4, p.290-297, 2004a.

FALEIRO, F. G.; LOPES, U. V.; YAMADA, M.M.; MELO, G. R. P.; MONTEIRO, W. R.; PIRES, J. L.; ROCHA, J. B.; BAHIA, R. C. S.; GOMES, L. M. C.; ARAÚJO, I. S.; FALEIRO, A. S. G. Genetic diversity of cacao accessions selected for resistance to

witches' broom based on RADP markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.4, p.12-17, 2004b.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaian Planters' Record**, Hawai, v.55 p.191-208, 1956.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.23, n.2, p.320-324, 2001.

FERRÃO M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.8, p.1089-1098, 2002.

FERREIRA, A.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; HOFFMANN, H. P.; VIEIRA, M. A. S.; BASSINELLO, A. I.; SILVA, M. F. Repetibilidade e número de colheitas para a seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.8, p.761-767, 2005a.

FERREIRA, F. M.; BARBOSA, M. H. P.; CASTRO, R. D.; PATERNELLI, L. A.; CRUZ, C. D. Effects of inbreeding on the selection of sugar cane clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5 p. 174-182, 2005b.

GRIVET, L.; GLASZMANN J. C.; ARRUDA, P. Sequence polymorphism from EST data in sugarcane: a fine analysis of 6-phosphogluconate dehydrogenase genes. **Genetic and Molecular Biology**, Brasil, v. 24, n.1-4, p.161-167, 2001.

HAGIWARA, W. E.; SANTOS, J. B.; CARMO, S. L. M. Use or RADP to aid selection in common bean backcross breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.1, n.4, p.335-362, 2001.

HOARAU, J. Y.; OFFMANN, B.; D'HON T A.; RISTERUCCI, A.; ROQUES, M. D.; GLASZMANN, J. C.; GRIVET, L. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum* spp.). I. Genome mapping with AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics (TAG)**, Berlin, v.103, n.1 p.84-97, 2001.

HODKINSON, T. R.; CHASE, M. W.; LLEDÓ, D. M.; SALAMIN, N.; RENVOIZE, S. A. Phylogenetics of *Miscanthus*, *Saccharum* and related genera (*Saccharinae*, *Andropogoneae*, *Poaceae*) based on DNA sequences from ITS nuclear ribosomal

DNA and plastid trnL intron and trnL-F intergenic spacers. **Journal of Plant Research**, Japão, v.115, n.5, p.381-392, 2002.

INSTITUTO AGRONÔMICO DE CAMPINAS – (IAC) **Programa Cana-de-Açúcar**. Disponível em: <http://www.iac.sp.gov.br/Centros/CentroCANA/PRINCIPAL.htm>. Acesso em 27/09/2007.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ – (IAPAR) **Cartas climáticas do Estado do Paraná 1994**. Londrina, 1994, 49p.

JACKSON P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, Australia, v.92, p.277-290, 2005.

JACKSON P. A. MCRAE, T. Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research**, Australia, v.59, n.3, p.151-162, 1998.

JACKSON, P.; MCRAE, T.; HOGARTH, M. Selection of sugarcane families across variable environments: I Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, Australia, v.43, p.109-118, 1995.

JANNOO, N.; GRIVET, L.; SEGUIN, M.; PAULET, F.; DOMAINGUE, R.; RAO, P. S.; DOOKUN, A.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J. C. Molecular investigation of the genetic base of sugarcane cultivars. **Theoretical and Applied Genetics (TAG)**, Berlin, v.99, n.1-2, p.171-184, 2004.

JORDAN, D. R.; CASU, R. E.; BESSE, P.; CARROLL, B. C.; BERDING, N.; MCINTYRE, C. L. Markers associated with stalk number and suckering in sugarcane collocate with tillering and rhizomatousness QTLs in sorghum. **Genome**, Canada, v.47, p.988-993, 2004.

KALIL FILHO, A. N.; RESENDE, M. D. V.; KALIL, G. P. C. Componentes de variância e predição de valores genéticos em seringueira pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.9, p.1883-1887, 2000.

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

KLACZKO, L. B. **Avaliação do estado atual do conhecimento sobre a biodiversidade genética no Brasil**. Campinas: UNICAMP-DGE, 2002. 48p. Relatório Final Ministério do Meio Ambiente (MMA).

LANDELL, M. G. DE A.; ALVAREZ, R.; ZIMBACK, L.; CAMPANA, M. P.; SILVA, M. DE A.; VILA NOVA, J. C.; PEREIRA, A.; PERECIN, D.; GALLO, P. B.; MARTINS, A. L. M.; KANTHACK, R. A. D.; FIGUEIREDO, P.; VASCONCELOS, A. C. M. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em Latossolo Roxo da região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, Campinas, v.58, p.269-280, 1999.

LEITE, M. S. O.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Effects of plot size on the estimation of genetic parameters in sugarcane families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.6, p. 40-46, 2006.

MACHADO, E. C. PEREIRA, A. R. FAHL, J. L. ARRUDA, H. V. CIONE, J. Índices biométricos de duas variedades de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** Brasil, v.17, p.1321-1329, 1982.

MANNERS, J.; MCINTYRE, L.; CASU, R.; CORDEIRO, G.; JACKSON, M.; AITKEN, K.; JACKSON, P.; BONNETT G.; LEE, S.; HENRY, R. Can genomics revolutionize genetics and breeding in sugarcane? In: 4TH INTERNATIONAL CROP SCIENCE CONGRESS, 2004. **Anais…** Australia: The Regional Institute Ltd, 2004. Disponível em <www.cropsciense.org.au>. Acesso em 26/08/2007.

MARCHIORO, V. S.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; CRUZ, P. J.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; SILVA, J. A.; SCHMIDT, G. Dissimilaridade genética entre genótipos de aveia. **Ciência Agrotecnica**, Lavras, v.27, n.2, p.285-294, 2003.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa : Editora UFV, p.205-251, 2005.

MELO, L. J. O.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; FILHO, C. J. A.; REIS, O. V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar na Zona da Mata de Pernambuco. **Bragantia**, Campinas, v.65, p.197-205, 2006.

MING, R.; LIU, S.; MOORE, P. H.; IRVINE, J. E.; PATERSON, A. H. QTL Analysis in a Complex Autopolyploid: Genetic Control of Sugar Content in Sugarcane. **Genome Research**, Nova York, v.11, n.12, p.2075-2084, 2001.

MIRANDA, G. V.; SEDIYAMA, C. S.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D. Genetic diversity among elite Brazilian soybean cultivars with arrow genetic base. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.1, n.2, p.115-123, 2001.

MORAES, R. M. A.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Genetic divergence in soybean parents for backcrossing programs, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5, p.340-347, 2005.

MOURA, E. F.; PINTO, J. E. B. P.; SANTOS, J. B.; LAMEIRA, O. A.; NUNES, J.A. R.; FERREIRA, D. F. Genetic, diversity of *Policarpus microphyllus* accessions using leaf traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5, p.348-354, 2005.

OLIVEIRA, R. A. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. 127p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.

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

PERONI, N.; MARTINS, P. S.; ANDO, A. Inter- and intraspecific diversity and use of multivariate analysis for the morphology of cassava (*Manihot esculenta* Crantz): a case study. **Scientia Agricicola**, Piracicaba, v.56, n.3, p.587-595, 1999.

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

RATTEY, A. R.; PIPERIDIS, G.; TAYLOR, G. O.; COX, M. C. DNA markers: a tool for identifying sugarcane varieties. In: CONFERENCE OF THE AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS HELD AT BRISBANE, 2004, Queensland. **Anais…** Queensland: PK Editorial Services Pty Ltd, 2004. Disponível em <www.cababstractsplus.org>. Acesso em 27/06/2007.

REDDY, C. R.; REDDI, M. V. Degree of genetic determination, correlation and genotypic and phenotypic path analysis of cane and sugar yield in sugarcane. **Indian Journal of Genetics**, New Delhi, v.46, n.3, p.550-557, 1986.

REGO, E. R.; DO RÊGO, M. M.; CRUZ, C. D.; CECON, P. R.; AMARAL, D. S. S. L.; FINGER, F. L. Genetic, diversity analysis of peppers: a comparison of discarding

variable methods. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.3, n. 1, p.19-26, 2003.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI-JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v.60, p.185-193, 2001.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica: Brasília, 2002, 975p.

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen Reml/Blup**. Embrapa Informação Tecnológica, Campo Grande, 2006, 299p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.3, p.421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V.; BIELE, J. Estimação e predição em modelos lineares generalizados mistos com variáveis binomiais. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v.20, p.39-65, 2002.

REDE INTERUNIVERSITÁRIA PARA O DESENVOLVIMENTO DO SETOR SUCROALCOOLEIRO – (RIDESA) **Melhoramento genético**. Disponível em <http://www.ridesa.org.br/mgenetico.htm>. Acesso em 27/09/2007.

ROCHA, M.; DAS G. DE B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Florestalis**, Viçosa, n.71, p. 99-107, 2006.

RODRIGUES, J. D. **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Universidade Estadual Paulista Botucatu, 1995, 99p.

RODRIGUES, M. C.; VALVA, F. D.; BRASIL, E. M.; CHAVES, L. J. Comparison among inbreeding systems in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.1, n. 2, p.105-114, 2001.

RONZELLI JUNIOR, P. **Melhoramento Genético de Plantas.** Paraná: Pedro Ronzelli Junior, 1996, 219p.

SCHENCK, S.; CREPEAU, M. W.; WU, K. K.; MOORE, P. H.; YU, Q.; MING, R. Genetic Diversity and Relationships in Native Hawaiian *Saccharum officinarum* Sugarcane. **Journal of Heredity**, Hawai, v.95, n.4, p.327-331, 2004.

SHIMOYA, A.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, R. P.; PEREIRA, A. V.; CARNEIRO, P. C. S. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.7, p.971-980, 2002.

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

SILVA, D. J. H.; COSTA, C. P.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D.; DIAS, L. A. S. Stability of genetic divergence among eggplant accesses in three stages of development. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.1, n.2, p. 135-143, 2001.

SILVA, M. A.; GONÇALVES, P. S.; LANDELL, M. G. A.; BRESSANI, J. A. Estimates of genetic parameters and expected gains from selection of yield traits in sugarcane families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.2, n.4, p. 569-578, 2002.

SOUSA-VIEIRA, O.; MILLIGAN, S. B. Interrelationships of cane yield components and their utility in sugarcane family selection: path coefficient analysis. **Interciencia**, Caracas, v.30, n.2, p.93-96, 2005.

SOUZA, F. F.; QUEIROZ, M. A.; DIAS, R. S. S. Divergência genética em linhagens de melancia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n. 2, p.179-183, 2005.

SOUZA, F. F.; QUEIRÓZ, M. A Avaliação de caracteres morfológicos úteis na identificação de plantas poliplóides de melancia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, p.516-520, 2004.

SOUZA, V. S. **Seleção de pré-variedades de soja baseado em índices**. 104p. Tese (Doutorado em Agronomia, Concentração em Genética e Melhoramento de Plantas – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz), Piracicaba, 2005.

STEVENSON, G. C. **Genetics and breeding of sugar cane**. Londres: Editora Longmans, 1965, 283p.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.1, p. 22-27, 2005.

TAI P, Y. P.; MILLER, J. D. A core collection for *Saccharum spontaneum* L. from the World Collection of Sugarcane. **Crop Science**, New York, v.41, p. 879-885, 2001.

TEIXEIRA, A. B.; AMARAL JUNIOR, A. T.; RODRIGUES, R.; PEREIRA, T. N. S.; BRESSAN-SMITH, R. E. Genetic divergence in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.4, p.57-62, 2004.

TEIXEIRA, L. H. M. **Mapeamento Funcional em Cana-de-açúcar Utilizando ESTs como Marcadores Moleculares.** 96p. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2006.

TEIXEIRA-CABRAL, T. A.; SAKIYAMA, N. S.; ZAMBOLIM, L.; PEREIRA, A. A.; BARROS, E. G.; SILVA, D. G. Characterization of differential coffee tree hosts for *Hemileia vastatrix* Berk. et Br. with RADP markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.4, p.68-73, 2004.

TOMKINS, J. P. YU, Y. MILLER-SMITH, H. FRISCH, D. A WOO, S. S. WING, R. A. A bacterial artificial chromosome library for sugarcane. **Theoretical and Applied Genetic (TAG)**, Berlin, v.99, n. 3-4, p. 419-424, 1999.

UNIÃO DAS INDÚSTRIAS DA CANA-DE-AÇÚCAR – (UNICA) **Pesquisa e desenvolvimento**. Disponível em <http://www.portalunica.com.br>. Acesso em 01/09/2007.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M.; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JUNIOR, A. T. Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.6, p.87-94, 2006.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M.; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JUNIOR, A. T. Simple and canonic correlation between agronomical and fruit quality traits in yellow passion fruit (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) populations **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.3, n.2, p.133-140, 2003.

VILELA, F. O.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P. Viability of the UENF popcorn improvement program base don divergence in S_1 families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.5, p.215-222, 2005.

WEI, X.; RATTEY, A. R. **Travel to the 12th Australasian Plant Breeding Conference.** Australia: Bureau of Sugar Experiment Station Publication, 2003, 24p. Relatório de projetos Sugar Research and Development Corporation (SRDC).

YAMADA, M. M.; FALEIRO, F. G.; LOPES, U. V.; BAHIA, R. C.; PIRES, J. L.; GOMES, L. M. C.; MELO, G. R. P. Genetic variability in cultivated cacao population in Brazil, detected by isozymes and RADP markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.1, n.4, p.377-384, 2001.

YAMADA, M. M.; FALEIRO, F. G.; LOPES, U. V.; PIRES, J. L.; DANTAS NETO, A.; FLORES, A. B.; FALEIRO, A. S. G. genetic variability and heterozygosity of cocoa accessions of Parinari (Pa) population, base don microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.3, n.4, p.289-296, 2003.

ANEXOS

ANEXOS

ANEXO 1 – RELAÇÃO DOS 138 CLONES PROMISSORES DA SÉRIE RB97 MAIS DUAS VARIEDADES PADRÕES UTILIZADAS NA ANÁLISE DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA NOS TRÊS AMBIENTES E RESPECTIVOS PROGENITORES

Nº.	Clone	Parentais (♀ x ♂)	Nº.	Clone	Parentais (♀ x ♂)
1	RB975000	RB815521 x RB835486	71	RB975177	RB835486 X RB855521
2	RB975002	RB835486 x RB855113	72	RB975179	RB855563 X RB735200
3	RB975004	RB835486 x RB855113	73	RB975183	RB855206 X RB825548
4	RB975005	RB72454 x SP79-1011	74	RB975184	RB72454 X SP79-1011
5	RB975006	RB835486 x RB855113	75	RB975185	RB72454 X SP79-1011
6	RB975007	RB835019 x SP70-1143	76	RB975188	RB855598 X RB845257
7	RB975008	RB835019 x SP70-1143	77	RB975200	RB835486 X RB825548
8	RB975010	RB835486 x RB815521	78	RB975202	SP79-2233 X RB835486
9	RB975013	RB835019 x RB855036	79	RB975204	RB835486 X RB825548
10	RB975015	SP79-1011 x RB855035	80	RB975205	RB855536 X RB855035
11	RB975019	RB855563 x RB735200	81	RB975206	RB825548 X RB855206
12	RB975021	RB855206 x IAC49-131	82	RB975207	RB835456 X RB825548
13	RB975022	RB855035 x RB835019	83	RB975211	RB855206 X SP 80-185
14	RB975024	SP80-1520 x SP70-1143	84	RB975212	RB825548 X RB855206
15	RB975026	SP80-185 x RB855598	85	RB975217	RB835486 X RB855113
16	RB975027	RB855206 x IAC49-131	86	RB975219	RB835089 X RB835486
17	RB975029	SP80-185 x RB855206	87	RB975221	SP79-1011 X RB72454
18	RB975031	RB855206 x SP80-185	88	RB975224	RB825548 X RB855206
19	RB975032	RB855206 x SP80-185	89	RB975228	RB825548 X RB855506
20	RB975033	RB855206 x SP80-185	90	RB975235	RB835486 X RB855113
21	RB975038	RB855563 x RB735200	91	RB975238	RB855563 X RB735200
22	RB975045	RB815521 x RB835486	92	RB975241	RB855206 X SP 80- 185
23	RB975046	RB825548 x RB835486	93	RB975243	RB855563 X RB735200
24	RB975047	RB835486 x RB825548	94	RB975244	RB835486 X RB825548
25	RB975048	RB825548 x RB835486	95	RB975249	RB835486 X RB825548
26	RB975049	SP70-1143 x RB835019	96	RB975253	RB855563 X RB735200
27	RB975051	RB855035 x RB855536	97	RB975256	RB825548 X RB835486
28	RB975053	RB855536 x RB855035	98	RB975269	RB835486 X RB825548
29	RB975055	RB735200 x RB855563	99	RB975270	RB855536 X RB855035
30	RB975057	RB835486 x RB825548	100	RB975279	RB855176 X RB735200
31	RB975061	RB835486 x RB825548	101	RB975282	RB825548 X RB835486
32	RB975067	RB835486 x RB825548	102	RB975285	RB735200 X RB855176
33	RB975068	RB835019 x RB855536	103	RB975286	RB855536 X RB855035
34	RB975069	RB835486 x RB825548	104	RB975287	RB855536 X RB855035

Continua...

Continuação...

ANEXO 1 – RELAÇÃO DOS 138 CLONES PROMISSORES DA SÉRIE RB97 MAIS DUAS VARIEDADES PADRÕES UTILIZADAS NA ANÁLISE DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA NOS TRÊS AMBIENTES E RESPECTIVOS PROGENITORES

Nº.	Clone	Parentais (♀ x ♂)	Nº.	Clone	Parentais (♀ x ♂)
35	RB975070	RB855035 x RB835019	105	RB975290	RB855035 X RB855536
36	RB975073	RB855206 x IAC49-131	106	RB975293	RB835486 X RB825548
37	RB975078	RB735200 x RB855176	107	RB975294	RB835486 X RB825548
38	RB975079	RB835486 x RB855536	108	RB975298	RB735200 X RB855077
39	RB975080	RB735200 x RB855176	109	RB975299	RB855563 X RB735200
40	RB975081	RB835486 x RB855536	110	RB975317	RB855176 X RB735200
41	RB975083	RB835486 x RB855077	111	RB975323	RB835486 X RB855113
42	RB975086	RB855206 x SP80-185	112	RB975329	SP70-1143 X SP80-520
43	RB975087	RB835486 x IAC49-131	113	RB975337	RB855453 X RB825548
44	RB975088	RB835486 x IAC49-131	114	RB975338	RB83102 X RB855453
45	RB975089	RB835486 x IAC49-131	115	RB975339	RB855453 X RB83102
46	RB975090	RB835486 x IAC49-131	116	RB975340	RB855453 X RB83102
47	RB975092	RB835486 x RB835019	117	RB975350	RB855536 x RB855035
48	RB975094	RB835486 x RB835019	118	RB975353	SP70-1143 x RB835019
49	RB975100	RB835486 x RB855536	119	RB976300	RB855206 X IAC49-131
50	RB975101	SP80-185 x RB855206	120	RB976306	RB855113 X RB835486
51	RB975102	RB835486 x RB855536	121	RB976310	RB855536 X RB855036
52	RB975103	RB835486 x RB855077	122	RB976311	RB855536 X RB855036
53	RB975108	RB835486 x RB855113	123	RB976312	RB835486 X RB835019
54	RB975111	RB825548 x RB835486	124	RB976317	RB835867 X RB855079
55	RB975112	RB835486 x RB825548	125	RB976319	SP80-1520 X SP70-143
56	RB975114	SP80-1520 x SP70-1143	126	RB976320	SP80-1520 X SP70-143
57	RB975115	RB825548 x RB835486	127	RB976324	RB835486 X RB855113
58	RB975151	RB855206 X RB825548	128	RB976328	RB855536 X RB835019
59	RB975153	RB825548 X RB855206	129	RB976331	RB855206 X RB825548
60	RB975157	RB855563 X RB735200	130	RB976336	RB835486 X RB825548
61	RB975163	RB855206 X RB825548	131	RB976338	RB835486 X RB825548
62	RB975164	RB855206 X RB825548	132	RB976339	RB855563 x RB735200
63	RB975165	RB825548 X RB835486	133	RB976341	RB835486 x RB855113
64	RB975166	RB835486 X RB825548	134	RB977529	RB72454 x SP70-1143
65	RB975169	RB825548 X RB835486	135	RB977533	RB83102 x RB855002
66	RB975170	RB855206 X RB825548	136	RB977534	RB83102 x RB855002
67	RB975172	SP 79-2233 X RB835486	137	RB977543	RB83102 x RB855002
68	RB975173	RB835486 X RB825548	138	RB977619	RB72454 x RB806043
69	RB975174	RB855563 X RB735200	139	RB72454	? x ?
70	RB975175	RB835486 X RB825548	140	RB835486	? x?

ANEXO 2 – RELAÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS DOS 138 CLONES PROMISSORES DA SÉRIE RB97 MAIS DUAS VARIEDADES PADRÃO PARA O CARACTERE QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS TRÊS AMBIENTES AVALIADOS E NA ANÁLISE CONJUNTA

Colorado		Paranavaí		Iguatemi		Análise Conjunta	
Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico
975079	21,1492	975102	31,4965	975285	27,0209	975019	25,9826
975290	21,103	975153	31,334	975279	25,3782	975269	25,7677
975299	21,0846	975317	31,1485	975175	24,8857	977533	25,6877
975269	21,0531	976339	30,7548	975033	24,4568	975102	25,658
72454	21,0266	975244	30,6588	977619	24,3335	975317	25,599
975164	20,8759	975019	30,5944	975112	24,1642	975038	25,4176
975038	20,8562	976331	30,1513	975269	24,1466	977619	25,3608
835486	20,6882	976306	30,1225	975073	24,0631	975073	25,2611
975153	20,682	977533	30,1027	975013	24,0215	975080	25,241
975073	20,6522	975021	29,9092	977533	23,6977	975175	25,1532
975024	20,6426	975083	29,8817	975224	23,6272	975244	25,1369
975005	20,6412	975103	29,881	975212	23,4784	975033	25,0561
975019	20,6327	975080	29,8123	975329	23,4782	975299	25,0495
975108	20,6246	975027	29,4997	975174	23,4483	975285	24,852
975022	20,6085	975270	29,4748	975317	23,358	975078	24,8059
975298	20,5898	975053	29,3844	976338	23,3418	976339	24,6726
977619	20,555	975175	29,3745	975338	23,3396	975112	24,6434
975224	20,5223	975007	29,3591	975055	23,243	975007	24,5361
975244	20,4996	975038	29,3352	975078	23,133	975079	24,4441
975033	20,4871	975081	29,2711	975205	22,9591	976306	24,3841
975080	20,4852	975078	29,173	975337	22,8682	975270	24,3095
975010	20,4772	976324	29,1329	977534	22,8432	975055	24,2055
975177	20,4444	975329	28,9954	975270	22,7949	975279	24,1932
977533	20,431	975157	28,936	975019	22,7834	975164	24,1301
975115	20,4284	975005	28,9073	975010	22,5382	975153	24,1297
977529	20,404	975299	28,8427	976317	22,3834	975083	24,1202
975235	20,391	975188	28,8287	975007	22,3691	975086	24,0833
975350	20,3833	975115	28,796	975038	22,2652	975053	24,0368
975185	20,3824	977529	28,7889	976306	22,1447	975103	24,035
975086	20,3714	977619	28,7847	975080	22,111	975010	23,9958
975094	20,3694	975206	28,7176	975200	22,1025	975224	23,9472
975029	20,3508	975163	28,7039	975219	21,993	975157	23,9272
976319	20,3487	976310	28,6283	975032	21,9544	975021	23,87
977543	20,3391	975269	28,5934	975238	21,8614	975115	23,7743
975102	20,3307	975243	28,5822	975235	21,8336	975174	23,7302
975279	20,3229	976300	28,5674	975086	21,8226	975205	23,6796
975070	20,3213	976319	28,4488	975170	21,7469	975329	23,6592
975046	20,3018	976311	28,4483	975008	21,6964	976324	23,6388
975253	20,2981	976328	28,4468	975298	21,665	975243	23,6297
975219	20,2831	975293	28,4458	975089	21,6503	975212	23,5895
975204	20,2663	975073	28,444	975207	21,6287	977529	23,5567
975078	20,2662	976315	28,422	975157	21,582	975207	23,5234
975112	20,2347	975207	28,4132	975053	21,4888	976319	23,492
975293	20,2149	975055	28,342	975243	21,4371	975206	23,464
975183	20,2113	975086	28,341	975102	21,3244	975108	23,4398

Continua...

Continuação...

ANEXO 2 – RELAÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS DOS 138 CLONES PROMISSORES DA SÉRIE RB97 MAIS DUAS VARIEDADES PADRÃO PARA O CARACTER QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS TRÊS AMBIENTES AVALIADOS E NA ANÁLISE CONJUNTA

Colorado		Paranavaí		Iguatemi		Análise Conjunta	
Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico
975047	20,2102	975112	28,3268	976324	21,2967	975005	23,3998
976320	20,2087	975094	28,3004	975101	21,256	975235	23,3891
975170	20,2042	975179	28,2727	975079	21,1709	975293	23,2322
975188	20,1845	977543	28,2664	975299	21,1544	976315	23,1199
976339	20,1614	975286	28,2615	975069	21,0918	975350	23,1099
975007	20,1584	975033	28,26	975083	21,0554	975013	23,0778
975174	20,1517	975205	28,2593	975021	20,9216	975200	23,0681
975289	20,1358	975221	28,1075	975350	20,8981	975032	23,0536
975103	20,1358	975088	28,0676	975353	20,8387	975008	23,0518
975353	20,1325	975169	27,9793	975206	20,7655	976310	23,0437
975000	20,1321	975164	27,9679	975166	20,7138	976338	23,029
975008	20,13	975032	27,9313	976315	20,6986	975219	23,0273
975004	20,1176	975172	27,9306	975294	20,6968	975188	22,9947
975051	20,1148	975228	27,8073	975164	20,6751	975298	22,9538
975055	20,1088	975108	27,7906	975004	20,6384	976331	22,926
975241	20,1027	975212	27,7815	975177	20,5845	977543	22,9257
975157	20,1016	975046	27,7236	975244	20,5695	975027	22,9135
975243	20,099	975173	27,6743	976339	20,4809	976311	22,818
975053	20,0694	975061	27,6716	976320	20,4449	975238	22,8004
975101	20,0669	975285	27,6592	975070	20,4354	975070	22,768
976310	20,0645	975323	27,6397	975057	20,3852	975047	22,7412
975206	20,0616	975174	27,6196	975256	20,3434	975163	22,7314
975256	20,0495	975010	27,6108	976341	20,2518	975022	22,6729
975339	20,0377	975089	27,5611	975103	20,2217	975290	22,6697
975175	20,0376	975211	27,5611	975185	20,1229	976320	22,6472
975207	20,0369	975069	27,5552	976319	20,1175	975069	22,6195
975285	20,0239	975047	27,5074	975067	20,074	975094	22,5978
975061	20,021	975002	27,4811	975293	20,0572	975177	22,5892
975317	20,0075	72454	27,4657	975114	20,0341	975061	22,5015
975200	20,004	975289	27,4242	975087	19,9937	975170	22,4539
975345	20,0034	975079	27,4018	975047	19,8712	975024	22,4059
975173	19,9991	975241	27,4008	977529	19,7829	72454	22,4056
975026	19,998	975200	27,3978	975253	19,7754	975286	22,3892
975048	19,9844	975184	27,3606	975061	19,7525	976328	22,3821
975083	19,9703	975238	27,3127	975006	19,7116	975337	22,3816
976315	19,9586	975006	27,3012	976310	19,7053	976300	22,2962
976331	19,9531	975031	27,2947	975282	19,6718	975089	22,2501
975027	19,9142	975350	27,2737	975286	19,657	975256	22,221
976311	19,9134	975068	27,2677	976311	19,6474	975289	22,2177
975270	19,9127	975008	27,2408	975100	19,6372	975172	22,1953
975212	19,9037	975235	27,2174	975108	19,5183	975338	22,1944
975067	19,8992	976336	27,1695	975115	19,509	975185	22,158
975013	19,8851	975224	27,1352	975051	19,4061	975046	22,1517

Continua...

Continuação...

ANEXO 2 – RELAÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS DOS 138 CLONES PROMISSORES DA SÉRIE RB97 MAIS DUAS VARIEDADES PADRÃO PARA O CARACTER QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS TRÊS AMBIENTES AVALIADOS E NA ANÁLISE CONJUNTA

Colorado		Paranavaí		Iguatemi		Análise Conjunta	
Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico
975032	19,8807	976320	27,1341	975184	19,3705	975253	22,145
975169	19,8748	975015	27,0822	975163	19,2833	975241	22,133
975238	19,8718	975217	27,0278	975339	19,2124	975101	22,1054
975172	19,8677	975256	27,0258	975172	19,2081	975081	22,0618
975205	19,8584	975045	27,0192	835486	19,1497	975184	22,0078
975211	19,8545	975219	27,0003	975048	19,1186	975323	21,9995
976328	19,8452	975183	26,9873	975323	19,0701	835486	21,9282
976306	19,8432	975100	26,9846	975022	19,0032	976317	21,9137
975166	19,8407	975049	26,9806	977543	18,9964	977534	21,9106
975111	19,8365	976338	26,9344	976328	18,9604	975169	21,9082
976338	19,8337	975070	26,9003	975002	18,921	975353	21,908
976324	19,8319	975282	26,8876	975290	18,7958	975221	21,8429
975323	19,8279	975279	26,8815	975289	18,7892	975004	21,8084
976336	19,826	975022	26,854	975188	18,7695	975029	21,7877
975163	19,8228	975026	26,8047	975068	18,7433	975183	21,7714
976317	19,8212	976341	26,7046	975204	18,7307	975006	21,7304
975184	19,8129	975151	26,6823	976300	18,7024	975051	21,6935
975069	19,8119	975024	26,5959	975111	18,6988	976336	21,6527
975049	19,8109	975029	26,5725	976336	18,6857	975002	21,6423
975045	19,8006	975337	26,537	975241	18,5876	975026	21,5971
976300	19,7978	975087	26,5326	975345	18,5798	975067	21,594
975031	19,7841	975253	26,425	975024	18,5541	975166	21,5898
975021	19,7495	975013	26,3964	975027	18,5039	976341	21,5222
975081	19,7427	975177	26,2902	975026	18,4412	975100	21,5182
975337	19,7371	975051	26,2741	975221	18,4346	975173	21,4142
975286	19,7263	977534	26,2474	975165	18,4185	975048	21,4056
975217	19,7155	975048	26,2357	975088	18,2761	975088	21,3055
975006	19,7147	975067	26,1744	975000	18,1894	975049	21,2487
975221	19,7016	975170	26,1182	975151	18,178	975068	21,2425
975057	19,67	975166	26,1059	975049	18,0633	975179	21,2415
975338	19,6699	975000	26,0813	72454	18,039	975282	21,1796
975015	19,6656	975298	26,0251	975169	18,0373	975087	21,1763
975002	19,6607	975290	26,0206	975092	18,0213	975000	21,1337
975202	19,6399	975185	25,9953	975183	17,8936	975031	21,0945
975151	19,6099	975101	25,9825	975029	17,8738	975339	20,9695
976341	19,5966	975338	25,9734	975046	17,8292	975204	20,8993
975092	19,5739	975353	25,8399	975094	17,7558	975151	20,8778
975100	19,5525	976317	25,7945	975202	17,5766	975228	20,829
975114	19,5241	975004	25,7731	975005	17,4073	975057	20,8192
975087	19,5077	975202	25,5261	975179	17,3396	975217	20,7846
975089	19,5061	975111	25,4044	975031	17,2428	975211	20,7731
975068	19,4896	835486	25,3777	975249	17,1707	975045	20,6491
977534	19,4817	975339	25,3689	975228	17,148	975111	20,6328

Continua...

Continuação...

ANEXO 2 – RELAÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS DOS 138 CLONES PROMISSORES DA SÉRIE RB97 MAIS DUAS VARIEDADES PADRÃO PARA O CARACTER QUILOGRAMA DE BRIX POR PARCELA (KBP), NOS TRÊS AMBIENTES AVALIADOS E NA ANÁLISE CONJUNTA

Colorado		Paranavaí		Iguatemi		Análise Conjunta	
Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico	Clone	Valor Genotípico
975329	19,4772	975090	25,3663	975217	17,0305	975345	20,4895
975294	19,4752	975249	25,1407	976331	16,9672	975015	20,4279
975179	19,4652	975345	25,1357	975173	16,8381	975114	20,3311
975228	19,4303	975057	25,0886	975081	16,5887	975294	20,126
975282	19,3931	975114	24,9452	975045	15,8786	975202	20,0245
975165	19,3776	975204	24,8994	975015	15,6721	975092	19,6088
975090	19,3078	975092	24,6666	975211	15,6418	975249	19,115
975088	19,275	975294	24,4557	975090	15,4177	975165	18,8829
975249	19,2176	975165	23,7014	975153	15,4162	975090	18,7144

Livros Grátis

(http://www.livrosgratis.com.br)

Milhares de Livros para Download:

Baixar livros de Administração
Baixar livros de Agronomia
Baixar livros de Arquitetura
Baixar livros de Artes
Baixar livros de Astronomia
Baixar livros de Biologia Geral
Baixar livros de Ciência da Computação
Baixar livros de Ciência da Informação
Baixar livros de Ciência Política
Baixar livros de Ciências da Saúde
Baixar livros de Comunicação
Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE
Baixar livros de Defesa civil
Baixar livros de Direito
Baixar livros de Direitos humanos
Baixar livros de Economia
Baixar livros de Economia Doméstica
Baixar livros de Educação
Baixar livros de Educação - Trânsito
Baixar livros de Educação Física
Baixar livros de Engenharia Aeroespacial
Baixar livros de Farmácia
Baixar livros de Filosofia
Baixar livros de Física
Baixar livros de Geociências
Baixar livros de Geografia
Baixar livros de História
Baixar livros de Línguas

Baixar livros de Literatura
Baixar livros de Literatura de Cordel
Baixar livros de Literatura Infantil
Baixar livros de Matemática
Baixar livros de Medicina
Baixar livros de Medicina Veterinária
Baixar livros de Meio Ambiente
Baixar livros de Meteorologia
Baixar Monografias e TCC
Baixar livros Multidisciplinar
Baixar livros de Música
Baixar livros de Psicologia
Baixar livros de Química
Baixar livros de Saúde Coletiva
Baixar livros de Serviço Social
Baixar livros de Sociologia
Baixar livros de Teologia
Baixar livros de Trabalho
Baixar livros de Turismo