



Bragantia

ISSN: 0006-8705

editor@iac.sp.gov.br

Instituto Agronômico de Campinas

Brasil

Alexandre Xavier, Mauro; Percin, Dilermando; Rodrigues de Toledo Alvim, Karen; Guimarães de Andrade Landell, Marcos; Cese Arantes, Flávio
Seleção de famílias e progênes de irmãos completos de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP
Bragantia, vol. 73, núm. 3, 2014, pp. 253-262
Instituto Agronômico de Campinas
Campinas, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=90832414006>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal

Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Seleção de famílias e progênes de irmãos completos de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP

Mauro Alexandre Xavier ⁽¹⁾; Dilermando Perecin ⁽²⁾; Karen Rodrigues de Toledo Alvim ^(2*); Marcos Guimarães de Andrade Landell ⁽¹⁾; Flávio Cese Arantes ⁽²⁾

⁽¹⁾ Instituto Agronômico (IAC), Centro de Cana, Rodovia Antonio Duarte Nogueira, km 321, 14001-970 Ribeirão Preto (SP), Brasil.

⁽²⁾ Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Departamento de Ciências Exatas, Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n, 14884-900 Jaboticabal (SP), Brasil.

^(*) Autora correspondente: karenagro@yahoo.com.br

Recebido: 16/jun./2014; Aceito: 7/jul./2014

Resumo

O objetivo deste trabalho foi avaliar as famílias e destacar as progênes superiores de cana-de-açúcar oriundas de 38 cruzamentos biparentais para os seguintes atributos: tonelada de colmos por hectare (TCH), toneladas de biomassa por hectare (TBIOH), brix (% caldo da cana), teor de fibra, pureza, pol e açúcar total recuperável (ATR). Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, em que o REML (Máxima Verossimilhança Restrita) permitiu estimar parâmetros genéticos e BLUP (Melhor Predição Linear Não Viciada) permitiu prever os valores aditivos e genotípicos. A melhor família para os atributos TCH e TBIOH foi a 41, cujos parentais são as cultivares IACSP022019 x CTC9. Na seleção individual para TCH, a planta de n. 3 do bloco 2, do cruzamento 78 foi a que apresentou o melhor resultado. Para TBIOH, a planta n. 33, do bloco 1, da família 41 foi superior. As famílias 40, 41, 43, 68, 69, 79, 91, 92 e 147 foram superiores para as variáveis brix, pol, pureza e ATR, enquanto que as famílias 85, 147, 148, 149, 161, 163, 177, 178, 179 e 183 foram superiores para fibra. A família 147, cujos parentais são IACSP042286 x IACSP963055, mostrou três progênes entre as dez melhores tanto para brix quanto para fibra, o que identifica essa combinação como potencial fonte de progênes para produção de bioenergia.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., modelos mistos, melhoramento genético.

Selecting families and full-sib progenies of sugarcane for technological attributes and production by the method of REML/BLUP

Abstract

The objective of this study was to assess families and highlight the superior progenies of sugarcane originating from 38 biparental crosses for the following attributes: tons of cane per hectare (TCH), tons of biomass per hectare (TBIOH), brix (% cane juice), fiber content, purity, pol and total recoverable sugar (TRS). The data were analyzed by mixed model REML / BLUP in the REML (Restricted Maximum Likelihood) allowed us to estimate genetic parameters and BLUP (best linear unbiased prediction) to predict the additive and genotypic values. The best family for the attributes TCH and TBIOH was 41, whose parents are cultivars IACSP022019 x CTC9. In individual selection for TCH, the plant number 3 of Block 2, the crossing 78, showed the best results. To TBIOH the plant number 33, Block 1, family 41, showed the best results. Families 40, 41, 43, 68, 69, 79, 91, 92 and 147, were higher for the variables brix, pol, purity, and ATR, where as 85 families, 147, 148, 149, 161, 163, 177, 178, 179, and 183 were higher for fiber. The family 147 whose parents are IACSP042286 x IACSP963055, showed three progenies ranked among the top ten for both brix, and for fiber, which identifies the combination as a potential source of progenies for bioenergy production.

Key words: *Saccharum* spp., mixed models, crop breeding.

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, a área cultivada com cana-de-açúcar destinada à atividade sucroalcooleira está estimada em 8,37 milhões de hectares. A previsão do total de cana moída na safra 2011/2012 é de 571,47 milhões de toneladas, com queda de 8,4% em relação à safra 2010/2011, que foi de 623,90 milhões de toneladas (CONAB, 2011).

O objetivo principal dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é abastecer o mercado com cultivares de interesse econômico, o que depende da variação genética disponível na população de seleção e da criteriosa avaliação dos genótipos em experimentos bem delineados (Ramalho et al., 2005). Assim, os estudos desenvolvidos

pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC) têm fornecido importantes subsídios técnicos para a expansão da cultura no Estado de São Paulo com o desenvolvimento de cultivares de alto potencial produtivo e o aprimoramento dos critérios de seleção.

Em cana-de-açúcar, os cruzamentos mais utilizados são os biparentais, que se caracterizam por possibilitar a determinação tanto da capacidade específica quanto da capacidade geral de combinação (CEC e CGC). Por outro lado, apresentam como limite para sua realização a falta de sincronismo de florescimento dos parentais.

Para Matsuoka et al. (2005), a herdabilidade entre famílias é superior àquela entre plantas individuais. No entanto, percebe-se que selecionando-se famílias sem considerar a variância genética dentro de cada cruzamento corre-se o risco de descartar indivíduos superiores em populações com médias inferiores, mas com ampla variabilidade e assimetria favorável na distribuição das progênes (Moraes et al., 2010).

Oliveira et al. (2008) afirmam que a seleção de famílias por meio de modelos mistos REMLP/BLUP pode ser uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos, em que haveria maior probabilidade de seleção de clones potenciais.

Além disso, é importante destacar que não só os atributos de produção, mas a análise tecnológica que avalia brix do caldo, teor de fibra, pureza, pol e açúcar total recuperável (ATR) torna-se imprescindível nas avaliações para seleção tanto de famílias quanto de progênes, permitindo caracterização e possibilitando a identificação de genótipos com perfil varietal para a produção de bioenergia.

Sendo assim, o objetivo deste foi avaliar 38 famílias oriundas de cruzamentos biparentais em cana-de-açúcar pelo

método dos modelos mistos – REML/BLUP – e destacar as famílias e progênes superiores para os atributos tonelada de colmos por hectare (TCH), toneladas de biomassa por hectare (TBIOH), brix (% caldo da cana), teor de fibra, pureza, pol e açúcar total recuperável (ATR).

2. MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi desenvolvido no Centro de Cana do IAC, localizado no Município de Ribeirão Preto, Estado de São Paulo, a uma altitude média de 531 metros do nível do mar, com relevo caracterizado como suavemente ondulado. Sua localização geográfica é definida como: latitude 21°12'42"S e longitude 47°48'24"W. O clima é do tipo tropical com inverno seco, classificado de acordo como o Sistema Internacional de Classificação de Köppen, como Aw. A pluviometria média anual é de 1.422 mm.

Foram utilizadas 38 famílias de irmãos completos, cruzamentos biparentais plantados em dois blocos casualizados. Cada parcela foi constituída inicialmente por 40 plantas espaçadas de 1,5 m entre linhas e 0,6 m entre plantas, totalizando nos dois blocos 80 progênes por família e um total inicial, nas 38 famílias, de 3.080 progênes.

As famílias originam-se dos cruzamentos da série de hibridação 2009 do Instituto Agronômico de Campinas, realizada na Estação Experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agropecuário – EBDA, localizada na Ilha de Itaparica, BA, entre maio e junho de 2009. Os *seedlings* foram produzidos no Centro de Cana-de-Açúcar em Ribeirão Preto entre outubro e novembro e transplantados para o campo em 3 de dezembro 2009.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para atributos de produção (TCH e TBIOH) e de análise tecnológica (brix, pol, pureza, ATR e fibra) de 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar

Parâmetros	TCH	TBIOH	Brix	Pol	Pureza	ATR	Fibra
$\hat{\sigma}_a^2$	174,4474	72,8102	1,2226	1,0947	3,0801	89,5149	1,1486
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	125,6474	14,9660	0,5259	0,1609	1,2969	14,4932	0,1234
$\hat{\sigma}_{fam}^2$	51,19450	81,6701	0,0116	0,0144	0,0446	1,1453	0,0081
$\hat{\sigma}_e^2$	3211,0904	6633,6380	1,0664	0,9292	6,3983	77,2559	0,8484
$\hat{\sigma}_f^2$	3562,3797	6803,0840	2,8265	2,1992	10,8200	182,4093	2,1285
\hat{h}_a^2	0,0490 ± 0,0173	0,0107 ± 0,0081	0,4325 ± 0,1033	0,4978 ± 0,1108	0,2847 ± 0,0838	0,4907 ± 0,1100	0,5396 ± 0,1153
\hat{h}_g^2	0,1064	0,0587	0,4490	0,5239	0,3012	0,5158	0,5549
\hat{c}_{parc}^2	0,0353	0,0022	0,1861	0,0731	0,1199	0,0795	0,0580
\hat{c}_{fam}^2	0,0144	0,0120	0,0041	0,0065	0,0041	0,0063	0,0038

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_{parc}^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{fam}^2$: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos completos; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos; \hat{h}_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, ajustada para os efeitos genotípicos totais; \hat{c}_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; \hat{c}_{fam}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

Os atributos agrônômicos avaliados foram toneladas de colmo por hectare (TCH), estimadas pela fórmula

$$TCH = \frac{d^2 \times h \times nc(0,007854)}{0,4 \times E}$$

em que d = diâmetro dos colmos, h = altura dos colmos; nc = número de colmos por touceira e E = 1,5 m entrelinhas; toneladas de biomassa por hectare (TBIOH) estimada por $TBIOH = biomassa \times (6,667 / 0,4)$,

em que a biomassa quantifica-se em kg por touceira, colmos sem desponte. Em ambos os casos foi admitido que a touceira ocupou 0,4 m da linha, daí o valor 0,4 presente nas estimativas de TCH e TBIOH.

As variáveis da análise tecnológica investigadas foram: brix (% caldo da cana), teor de fibra, pureza, pol e açúcar total recuperável (ATR), obtidas segundo

Tabela 2. Estimativa dos valores genotípicos do cruzamento (Vgc) das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para: toneladas de colmo por hectare (TCH), tonelada de biomassa por hectare (TBIOH)

Ordem	TCH		TBIOH	
	Família	Vgc	Família	Vgc
1	41	89,6490	41	124,9631
2	78	84,8865	78	117,4225
3	95	84,3465	1.029	115,9381
4	79	82,9086	95	115,1444
5	109	82,9062	109	113,8625
6	161	82,4994	161	111,8869
7	92	80,0658	149	111,4706
8	1.029	77,8852	92	111,1550
9	69	77,1202	40	110,9988
10	113	76,8566	79	110,5569
11	151	76,7023	91	109,3738
12	43	76,1190	43	109,3013
13	40	75,3931	80	109,2663
14	149	74,1644	113	109,0494
15	80	73,6631	177	108,4138
16	163	72,9083	69	108,1844
17	148	71,8547	42	107,6825
18	152	71,8117	516	106,8238
19	546	70,4011	152	106,2081
20	91	70,3598	151	103,9844
21	94	69,4194	90	103,9531
22	42	69,4146	558	103,8225
23	183	69,1110	183	103,5806
24	147	68,9980	94	103,3675
25	84	67,8772	179	101,9606
26	85	67,2907	180	101,8138
27	68	66,1829	546	101,7681
28	516	66,0426	147	101,7381
29	90	65,5789	148	100,8463
30	185	65,3160	110	100,1088
31	110	63,6921	163	97,69063
32	558	62,9824	84	97,28313
33	179	62,0670	185	96,98063
34	178	60,2752	68	96,62938
35	177	59,5509	178	94,44188
36	180	58,3829	85	93,37313
37	184	56,0887	184	89,00188
38	182	53,8367	182	87,7125
μ		71,1739		105,2044

Em que, 40: IACCTC062785 x CTC9; 41: IACSP022019 x CTC9; 42: IACCTC063732 x CTC9; 43: IACCTC053543 x CTC9; 68: IACSP996308 x CTC9; 69: IACSP993013 x CTC9; 78: IACSP032030 x IACSP952326; 79: IACSP032107 x IACSP952326; 80: IACSP03-2032 x IACSP95-2326; 84: IACCTC052511 x IACSP963055; 85: IACCTC053546 x IACSP963055; 90: IACCTC063726 x CTC9; 91: IACCTC063747 x CTC9; 92: IACCTC063728 x CTC9; 94: CT973060 x IACSP944004; 95: SP842025 x IACSP944004; 109: IACSP022006 x CTC4; 110: IACSP022141 x CTC4; 113: IACSP032014 x CTC1; 147: IACSP042286 x IACSP963055; 148: IACSP042081 x IACSP963055; 149: CTC8 x IACSP963055; 151: IACCTC063738 x IACSP987019; 152: IACSP042081 x IACSP987019; 161: IACSP982072 x IACSP985010; 163: IACSP961107 x IACSP985010; 177: IACSP032082 x IACSP993009; 178: IACSP023157 x IACSP993009; 179: IACSP022095 x IACSP993009; 180: IACSP963130 x SP832847; 182: IACSP042150 x SP832847; 183: IACSP042065 x IACSP973391; 184: CT973060 x IACSP973391; 185: IACCTC063547 x IACSP973391; 516: IACSP955000 x CT024940; 546: CT961414 x SP88721; 558: IACSP963060 x IACSP93046; 1.029: IACSP963060 x CT961449; (família: fêmea x macho); μ: média geral do experimento.

as normas técnicas de determinação da qualidade da cana-de-açúcar, conforme estabelece o Conselho de Produtores de Cana-de-Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (CONSECANA, 2006).

Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, em que REML (Máxima Verossimilhança Restrita) estima parâmetros genéticos e BLUP (Melhor Predição Linear Não Viciada) prediz os valores aditivos e genotípicos, ordenando tanto as famílias como os indivíduos em relação aos atributos avaliados. Utilizou-se o delineamento de blocos completos, várias plantas por parcelas e genitores não aparentados, usando-se o *software* Selegen (modelo 33)

(Resende, 2002), que considera o seguinte modelo estatístico: $y = Xr + Za + Wp + Td + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), d é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As famílias foram classificadas por seu valor genotípico, além disso foram classificadas as 25 melhores progênes entre

Tabela 3. Estimativa dos valores genotípicos do cruzamento (Vgc) das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para as variáveis brix (% do caldo da cana), pol, pureza, teor de fibra, e açúcar total recuperável (ATR)

Ordem	BRIX		POL		PUREZA		FIBRA		ATR	
	Família	Vgc	Família	Vgc	Família	Vgc	Família	Vgc	Família	Vgc
1	91	21,70	91	15,34	43	88,57	147	17,03	91	150,40
2	79	21,37	79	15,26	42	87,87	85	16,96	79	149,65
3	147	21,30	43	15,22	79	87,82	148	16,82	43	149,17
4	41	21,28	41	14,88	41	87,73	149	16,40	41	146,18
5	69	21,26	42	14,87	91	87,72	183	16,37	42	146,09
6	90	21,23	69	14,80	92	87,71	161	16,32	69	145,63
7	43	21,15	90	14,72	68	87,52	163	16,25	90	144,87
8	68	21,14	40	14,71	40	87,49	177	16,20	40	144,70
9	40	21,10	68	14,67	80	87,38	178	16,13	68	144,31
10	84	21,10	84	14,65	69	87,35	179	16,07	84	144,07
11	42	21,01	92	14,42	185	87,32	84	15,93	92	142,02
12	148	20,91	147	14,36	90	87,28	68	15,93	147	141,55
13	163	20,76	113	14,32	113	87,26	91	15,87	113	140,83
14	85	20,73	185	14,30	84	86,93	90	15,86	185	140,67
15	92	20,62	78	14,25	179	86,80	113	15,82	78	140,63
16	78	20,52	80	14,23	152	86,79	41	15,81	80	140,21
17	113	20,49	148	14,16	78	86,72	110	15,77	546	139,63
18	161	20,44	546	14,11	151	86,63	184	15,75	148	139,61
19	546	20,43	179	14,09	148	86,59	558	15,72	163	138,80
20	80	20,41	163	14,05	85	86,48	69	15,67	179	138,75
21	185	20,34	94	14,00	178	86,46	180	15,66	94	138,42
22	183	20,30	95	13,97	147	86,14	152	15,63	95	138,11
23	179	20,29	85	13,95	95	86,11	40	15,62	85	137,61
24	109	20,26	152	13,83	110	86,00	185	15,38	109	137,01
25	149	20,26	109	13,82	149	85,89	79	15,37	152	136,53
26	94	20,25	151	13,78	183	85,86	80	15,35	151	136,13
27	184	20,18	110	13,74	94	85,85	182	15,29	110	135,88
28	95	20,15	184	13,66	184	85,84	78	15,08	184	135,28
29	110	20,14	183	13,65	516	85,82	92	15,06	183	135,05
30	152	20,09	161	13,60	163	85,61	42	15,04	161	134,84
31	178	19,81	149	13,50	546	85,41	94	15,03	149	133,71
32	151	19,79	178	13,48	1.029	85,41	109	14,94	178	133,26
33	180	19,53	516	13,23	558	85,37	95	14,85	516	131,27
34	558	19,46	1.029	13,21	109	85,09	43	14,83	1.029	131,11
35	1.029	19,30	558	13,08	161	85,06	151	14,75	558	129,90
36	177	19,23	180	13,00	177	84,95	546	14,59	180	129,35
37	516	19,18	177	12,52	180	84,66	1.029	14,57	177	124,94
38	182	19,06	182	12,47	182	84,05	516	14,33	182	124,78
μ		20,23		13,87		86,18		15,51		137,10

as 38 famílias para cada atributo. Esse *ranking* individual foi feito pela média genotípica predita, que é o valor mais interessante do ponto de vista de ganho, por se trabalhar com uma cultura de propagação vegetativa.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os atributos avaliados encontram-se na tabela 1. Observa-se que a variância genética aditiva é maior para os atributos de produção (TCH e TBIOH) e ATR, enquanto que a herdabilidade apresenta maiores valores para os atributos tecnológicos, corroborando Bressiani et al. (2002).

Considerando os valores genotípicos dos cruzamentos (Vcg), a melhor família para os atributos TCH e TBIOH (Tabela 2) foi a 41, cujos parentais são as cultivares IACSP022019 x CTC9, com valores de 89,65 para TCH e de 124,96 para TBIOH.

Entre as dez melhores famílias, 41, 78, 79, 92, 95, 109, 161 e 1029 foram as melhores, tanto para TCH quanto para TBIOH (Tabela 2), sendo que os parentais masculinos CTC9 e IACSP952326 estão presentes em dois desses melhores cruzamentos. A indicação das melhores famílias pode permitir

sua exploração de forma mais eficiente (Barbosa et al., 2004; 2005; Resende e Barbosa, 2006).

Já para os dados de análise tecnológica (Tabela 3), as famílias 40, 41, 43, 68, 69, 79 e 91 foram superiores para as variáveis brix, pol, pureza e ATR ao mesmo tempo. Para esse grupo de cruzamentos destaca-se novamente o parental CTC9, que aparece em 85% das melhores combinações. As famílias 85, 147, 148, 149, 161, 163, 177, 178, 179 e 183 foram superiores para o atributo fibra, com destaque para as frequências em que aparecem os parentais masculinos IACSP963055 e IACSP993009.

Na seleção individual para TCH, todas as 25 plantas selecionadas pertencem a famílias que foram classificadas entre as dez melhores para o valor genotípico desse atributo. A planta de n.º 3 do bloco 2 do cruzamento 78 foi a melhor progênie, com valor genético aditivo predito e média genotípica predita de 88,73 e de 108,24, respectivamente (Tabela 4). Vale lembrar que a produtividade média brasileira está estimada em 68,29 TCH, segundo a CONAB (2011), dessa forma, a progênie citada tem potencial para produzir mais de 20% acima da média nacional.

De acordo com a tabela 5, a planta n.º 33 do bloco 1 da família 41 foi superior para TBIOH, com valor genético aditivo predito de 112,07 e média genotípica predita de

Tabela 4. Seleção das 25 melhores progênies oriundas das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para o atributo toneladas de colmo por hectare (TCH)

Ordem	Bloco	Família	TCH			
			Planta	f	$\mu+a$	$\mu+g$
1	2	78	3	418,0917	88,7292	108,2458
2	2	78	1	369,4522	87,4429	104,6947
3	2	1.029	32	443,4892	83,2449	103,6049
4	2	95	4	344,1654	85,8359	102,7241
5	1	43	1	441,9283	84,3787	102,6634
6	1	41	33	267,6707	85,6019	102,3922
7	2	95	7	335,9423	85,6185	102,1237
8	1	41	35	247,2302	85,0614	100,8998
9	2	161	2	309,5523	84,0879	99,4941
10	1	161	30	323,4631	84,0181	99,3015
11	2	78	13	295,3205	85,4825	99,2824
12	1	41	17	217,8938	84,2856	98,7580
13	2	41	1	223,3602	84,2134	98,5588
14	2	41	40	221,6949	84,1694	98,4372
15	1	161	5	309,0878	83,6379	98,2519
16	2	41	27	216,4714	84,0312	98,0559
17	2	41	38	212,7125	83,9318	97,7814
18	1	41	9	202,2340	83,8715	97,6147
19	2	41	2	205,2512	83,7345	97,2367
20	2	41	21	202,6835	83,6666	97,0492
21	1	78	1	242,3993	84,6457	96,9721
22	1	109	21	279,8822	82,0417	96,8820
23	2	79	31	267,3331	84,4037	96,8373
24	2	41	6	196,3500	83,4991	96,5868
25	2	41	7	196,1139	83,4929	96,5696

f: valor fenotípico individual; $\mu+a$: valor genético aditivo predito; $\mu+g$: média genotípica predita.

135,35. A família 41 foi a que apresentou maior frequência de progênies superiores, num total de 71%.

Para a variável brix, as dez melhores progênies pertencem às famílias 40, 43, 69, 79 e 91, sendo que 50% são da família 91, que possui os seguintes genitores: IACCTC063747 x CTC9. O melhor indivíduo para esse atributo foi o 21 da família 91 bloco 1, que apresentou valor fenotípico de 24,98, valor genético aditivo predito de 22,59 e média genotípica predita de 22,66 (Tabela 6). Destaca-se que plantas selecionadas de diversas famílias (Tabela 6) apresentaram média genotípica predita maior que o valor genotípico do melhor cruzamento, que foi de 21,70, da família 91; ou seja, isso mostra que é possível selecionar progênies superiores oriundas de cruzamentos com médias inferiores.

Para o atributo pol, os melhores indivíduos pertencem às famílias 42, 43, 79 e 91, sendo que as famílias 43, 79 e 91 correspondem a cerca de 80% desse total. O melhor indivíduo foi o 6 da família 79 do bloco 1. Esse apresentou valor fenotípico de 17,72, valor genético aditivo predito de 16,18 e média genotípica predita de 16,30 (Tabela 7).

Com relação à seleção individual para pureza, as famílias que apresentaram os melhores indivíduos foram 41, 43 e 91. Sendo que a família 43 apresentou 80% dos dez melhores indivíduos. O indivíduo superior foi o n.º 10 do bloco 1

da família 43, com 96,17 de valor fenotípico, 89,92 de valor genético aditivo predito e 90,09 de média genotípica predita (Tabela 8).

O indivíduo superior para ATR foi a planta 6 do bloco 1 da família 79, com 172,56 kg ton⁻¹ de valor fenotípico, 158,10 kg ton⁻¹ de valor genético aditivo predito e 159,16 kg ton⁻¹ de média genotípica predita. Os dez indivíduos superiores são das famílias 42, 43, 79 e 91 (Tabela 9), dessas, o parental masculino CTC 9 está presente em dois cruzamentos (43 e 91), reforçando a qualidade desse parental. As 25 progênies superiores (Tabela 9) mostram ganhos preditos superiores a 15 kg ton⁻¹ de ATR em relação ao previsto, 135,94, para a safra 2011/12 (CONAB, 2011).

Quanto à fibra, a melhor progênie é a n.º 10 da família 147 do bloco 1, com valor fenotípico de 19,97%, valor genético aditivo predito de 18,06% e média genotípica predita de 18,12%. As famílias que mais apresentaram indivíduos superiores foram 85, 147, 148 e 163 (Tabela 10).

As progênies da família 147 originadas da combinação entre os parentais IACSP042286 x IACSP963055 associaram altos teores de sacarose e fibra, dessa forma, esse cruzamento é uma provável fonte para a seleção de cultivares modernas que atendam ao perfil bioenergético.

Tabela 5. Seleção das 25 melhores progênies oriundas das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para o atributo toneladas de biomassa por hectare (TBIOH)

Ordem	Bloco	Família	TBIOH			
			Planta	f	μ+a	μ+g
1	1	41	33	370,0185	112,0665	135,3507
2	1	41	35	350,0175	111,9573	134,5068
3	2	78	1	506,6920	111,5437	134,0663
4	2	41	38	306,6820	111,7448	132,8638
5	1	41	17	306,6820	111,7208	132,6785
6	2	95	20	490,0245	110,0975	131,2189
7	2	41	1	263,3465	111,5083	131,0354
8	2	78	13	433,3550	111,1434	130,9721
9	2	41	40	256,6795	111,4719	130,7541
10	2	78	3	420,0210	111,0706	130,4096
11	2	41	27	246,6790	111,4173	130,3322
12	1	41	31	246,6790	111,3933	130,1469
13	2	41	2	233,3450	111,3445	129,7696
14	2	41	9	233,3450	111,3445	129,7696
15	2	41	6	230,0115	111,3263	129,6290
16	2	41	25	230,0115	111,3263	129,6290
17	1	41	9	233,3450	111,3205	129,5843
18	1	41	37	230,0115	111,3023	129,4437
19	1	41	40	230,0115	111,3023	129,4437
20	2	41	7	223,3445	111,2899	129,3477
21	1	41	36	223,3445	111,2660	129,1624
22	2	41	21	216,6775	111,2535	129,0664
23	1	41	8	216,6775	111,2296	128,8811
24	2	41	11	203,3435	111,1808	128,5038
25	1	41	13	206,6770	111,1750	128,4592

f: valor fenotípico individual; μ+a: valor genético aditivo predito; μ+g: média genotípica predita.

Tabela 6. Seleção das 25 melhores progênies oriundas das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para o atributo brix (% caldo da cana)

Ordem	Bloco	Família	BRIX			
			Planta	f	$\mu+a$	$\mu+g$
1	1	91	21	24,98	22,5928	22,6620
2	1	79	6	24,78	22,5260	22,6146
3	1	91	31	24,18	22,3013	22,3538
4	1	91	35	23,66	22,1118	22,1535
5	1	43	6	23,96	22,0627	22,1116
6	1	91	36	23,49	22,0499	22,0880
7	2	69	6	23,95	22,0318	22,0769
8	1	91	18	23,27	21,9697	22,0033
9	1	79	8	23,15	21,9321	21,9867
10	2	40	14	23,30	21,9290	21,9711
11	2	43	16	22,91	21,8483	21,8849
12	1	147	7	22,50	21,8454	21,8907
13	1	90	33	22,77	21,7899	21,8218
14	2	79	31	23,66	21,7850	21,8313
15	2	546	25	24,42	21,7740	21,8486
16	1	41	36	22,38	21,7681	21,7978
17	1	91	25	22,70	21,7620	21,7837
18	2	147	22	23,80	21,7461	21,7857
19	1	68	4	22,53	21,7388	21,7694
20	1	69	28	22,35	21,7383	21,7666
21	1	90	40	22,61	21,7316	21,7601
22	2	79	20	23,51	21,7304	21,7735
23	2	84	35	23,47	21,7238	21,7659
24	2	147	24	23,61	21,6769	21,7125
25	1	84	15	22,61	21,6660	21,7047

f: valor fenotípico individual; $\mu+a$: valor genético aditivo predito; $\mu+g$: média genotípica predita.**Tabela 7.** Seleção das 25 melhores progênies oriundas das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para o atributo pol

Ordem	Bloco	Família	POL			
			Planta	f	$\mu+a$	$\mu+g$
1	1	79	6	17,7193	16,1790	16,2962
2	1	43	6	17,7574	16,1186	16,2134
3	1	42	32	17,8276	16,0219	16,1178
4	2	43	16	17,5975	15,9996	16,0850
5	1	91	31	17,0586	15,9101	15,9856
6	2	79	20	17,4668	15,8085	15,8965
7	1	79	10	16,6635	15,7876	15,8740
8	1	43	25	16,7789	15,7559	15,8221
9	1	91	35	16,5418	15,7186	15,7790
10	1	91	21	16,4823	15,6965	15,7552
11	1	91	36	16,2074	15,5946	15,6452
12	2	79	6	16,8591	15,5832	15,6535
13	1	91	1	16,0708	15,5440	15,5906
14	2	43	29	16,3616	15,5415	15,5908
15	2	79	21	16,6473	15,5047	15,5688
16	1	43	10	15,9838	15,4611	15,5041
17	1	79	1	15,7444	15,4469	15,5064
18	1	91	25	15,8020	15,4443	15,4831
19	2	43	21	16,0329	15,4196	15,4593
20	1	90	40	16,3404	15,4139	15,4657
21	1	42	14	16,1806	15,4113	15,4591
22	2	40	14	16,3875	15,3578	15,4055
23	2	69	6	16,5297	15,3545	15,3995
24	1	43	27	15,6905	15,3524	15,3868
25	2	79	11	16,2316	15,3506	15,4026

f: valor fenotípico individual; $\mu+a$: valor genético aditivo predito; $\mu+g$: média genotípica predita.

Tabela 8. Seleção das 25 melhores progênies oriundas das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para o atributo pureza

PUREZA						
Ordem	Bloco	Família	Planta	f	$\mu+a$	$\mu+g$
1	1	43	10	96,17	89,9155	90,0920
2	2	43	16	93,54	89,2279	89,3446
3	2	43	11	91,29	88,7914	88,8701
4	1	43	6	90,32	88,7806	88,8585
5	1	43	27	90,27	88,7709	88,8479
6	2	43	1	91,01	88,7371	88,8111
7	1	43	25	90,04	88,7263	88,7994
8	1	41	40	93,45	88,7170	88,8122
9	1	91	1	93,02	88,7168	88,8122
10	2	43	29	90,88	88,7119	88,7837
11	1	42	14	92,47	88,6779	88,7658
12	1	43	14	89,67	88,6545	88,7214
13	1	79	10	92,67	88,6471	88,7645
14	2	43	35	90,50	88,6381	88,7036
15	2	79	14	93,12	88,6295	88,7454
16	2	43	8	90,44	88,6265	88,6909
17	2	43	36	90,35	88,6090	88,6719
18	1	41	31	92,40	88,5133	88,5908
19	2	92	30	91,82	88,4447	88,5168
20	2	43	30	89,40	88,4247	88,4716
21	1	91	31	91,48	88,4180	88,4875
22	2	43	21	89,12	88,3704	88,4126
23	2	80	1	93,09	88,3072	88,4071
24	1	43	21	87,77	88,2859	88,3208
25	2	43	20	88,67	88,2831	88,3177

f: valor fenotípico individual; $\mu+a$: valor genético aditivo predito; $\mu+g$: média genotípica predita.**Tabela 9.** Seleção das 25 melhores progênies oriundas das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para o atributo ATR

ATR						
Ordem	Bloco	Família	Planta	f	$\mu+a$	$\mu+g$
1	1	79	6	172,5633	158,1024	159,1609
2	1	43	6	173,1950	157,5374	158,3981
3	1	42	32	174,3651	156,9742	157,8665
4	2	43	16	170,8536	156,2210	156,9807
5	1	91	31	166,0176	155,4576	156,1287
6	2	79	20	170,5181	154,7347	155,5347
7	1	79	10	162,1461	154,2812	155,0463
8	1	91	21	162,4942	154,1651	154,7370
9	1	43	25	163,9866	154,1595	154,7609
10	1	91	35	161,6031	153,8382	154,3850
11	2	79	6	164,7651	152,6244	153,2623
12	1	91	36	158,1813	152,5830	153,0334
13	2	43	29	159,7787	152,1585	152,6062
14	1	91	1	156,3958	151,9280	152,3282
15	2	79	21	162,7891	151,8995	152,4818
16	1	91	25	155,4379	151,5767	151,9498
17	1	79	1	153,7824	151,2131	151,7427
18	2	43	21	157,1189	151,1828	151,5557
19	1	90	40	159,7279	151,1689	151,6451
20	2	79	11	159,8707	150,8290	151,3291
21	1	42	14	157,4726	150,7776	151,1942
22	1	43	10	154,7652	150,7769	151,1186
23	2	40	14	160,5178	150,7547	151,2033
24	1	79	4	152,0960	150,5945	151,0766
25	1	94	29	171,7118	150,5941	151,6904

f: valor fenotípico individual; $\mu+a$: valor genético aditivo predito; $\mu+g$: média genotípica predita.

Tabela 10. Seleção das 25 melhores progênies oriundas das 38 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar para o atributo fibra

Ordem	Bloco	Família	FIBRA			
			Planta	f	$\mu+a$	$\mu+g$
1	1	147	10	19,97	18,064	18,1228
2	2	85	11	19,71	18,0031	18,0603
3	1	148	18	19,74	17,9954	18,0493
4	2	85	13	19,58	17,9506	18,0056
5	2	163	26	19,81	17,7765	17,8449
6	1	85	35	18,94	17,699	17,7433
7	2	148	1	18,94	17,6218	17,6599
8	2	147	30	18,44	17,6104	17,6500
9	1	147	7	18,79	17,5876	17,6263
10	2	85	2	18,60	17,5550	17,5932
11	1	148	22	18,62	17,5433	17,5780
12	2	85	40	18,48	17,5066	17,5427
13	2	148	9	18,62	17,4926	17,5252
14	1	178	23	19,71	17,4768	17,5355
15	1	85	30	18,09	17,3559	17,3857
16	1	147	26	18,13	17,3212	17,3485
17	2	147	34	17,72	17,3198	17,3470
18	2	149	12	18,87	17,3022	17,3374
19	2	148	30	18,10	17,2827	17,3064
20	1	85	34	17,83	17,2509	17,2763
21	2	85	31	17,84	17,2482	17,2734
22	1	147	5	17,92	17,2364	17,2602
23	2	147	39	17,45	17,2108	17,2334
24	1	110	10	19,44	17,2103	17,2789
25	2	148	34	17,90	17,2020	17,2223

f: valor fenotípico individual; $\mu+a$: valor genético aditivo predito; $\mu+g$: média genotípica predita.

4. CONCLUSÃO

A melhor família para os atributos de produção foi a 41, cujos parentais são as cultivares IACSP022019 x CTC9.

Na seleção individual para TCH, a planta de n.º 3 do bloco 2 do cruzamento 78 foi o melhor indivíduo. Enquanto que, para TBIOH, a planta n.º 33 do bloco 1 da família 41 foi o melhor indivíduo.

As famílias 40, 41, 43, 68, 69, 79, 91, 92 e 147 foram superiores para os atributos brix, pol, pureza e ATR.

As famílias 85, 147, 148, 149, 161, 163, 177, 178, 179 e 183 foram superiores para o atributo fibra.

A família 147 (IACSP042286 x IACSP963055) é uma provável fonte para a seleção de genótipos que atendam ao perfil bioenergético, por apresentar altos valores genotípicos (Vcg) tanto para teor de sacarose quanto para fibra.

As cultivares CTC9 e IACSP962326 são boas parentais masculinas para os atributos tecnológicos.

REFERÊNCIAS

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; SILVA, F.L.; FIGUEIREDO, I.C.R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families

specialized in biomass production. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.4, p.218-226, 2004.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.S.A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.5, p.443-450, 2005. <http://dx.doi.org/10.12702/1984-7033.v05n04a10>

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*, v.61, p.1-10, 2002. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052002000100002>

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. Acompanhamento da safra brasileira. Brasília, 2011. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>.

CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA-DE-AÇÚCAR, AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO - CONSECANA. Manual de Instruções. Piracicaba, 2006. 112p.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 2005. p.255-274.

MORAES, M.F.; BASTOS G.Q.; FILHO, C.J.A.; MELO, L.J.O.T.; REIS, O.V. Avaliação agroindustrial e parâmetros genético de progênies de cana-de-açúcar em fase inicial na zona canavieira do litoral norte de Pernambuco. *Ciência Agrotecnologia*, v.34, p.1086-1092, 2010. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542010000500002>

OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; RESENDE, M.D.V.; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia Agraria*, v.9, p.269-274, 2008.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326p.

RESENDE, M.D.V. Software SELEGEN - REML/BLUP. Colombo: EMBRAPA – CNPF, 2002. 67p. (Série Documentos, 77)

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.41, p.421-429, 2006. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000300008>