

Revista Brasileira de Ciências Agrárias (Agrária)

Revista Brasileira de Ciências Agrárias

ISSN: 1981-1160

editorgeral@agraria.pro.br

Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Brasil

Silva, Gheysa C.; Oliveira, Francisco J. de; Anunciação Filho, Clodoaldo J. da; Simões Neto, Djalma E.; Melo, Luiz J. O. T. de

Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar

Revista Brasileira de Ciências Agrárias, vol. 6, núm. 1, enero-marzo, 2011, pp. 52-58

Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Pernambuco, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=119018527008>

- 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

## AGRÁRIA

Revista Brasileira de Ciências Agrárias

ISSN (on line): 1981-0997

v.6, n.1, p.52-58, jan.-mar., 2011

Recife, PE, UFRPE. www.agraria.ufrpe.br

Protocolo 848 - 05/03/2010 \*Aprovado em 25/10/2010

DOI:10.5039/agraria.v6i1a848

Gheysa C. Silva<sup>1</sup>

Francisco J. de Oliveira<sup>2</sup>

Clodoaldo J. da Anunciação Filho<sup>2</sup>

Djalma E. Simões Neto<sup>2</sup>

Luiz J. O. T. de Melo<sup>2</sup>

# Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar

## RESUMO

Objetivou-se com este trabalho avaliar a divergência genética entre sete variedades-padrões e onze clones RB (República do Brasil) de cana-de-açúcar, por meio de técnicas uni e multivariadas, com base em dez caracteres agroindustriais. O experimento foi conduzido na área agrícola da Usina Trapiche-Sirinhaém/PE, durante o ano agrícola 2005/2006. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições de dezoito genótipos. A distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada como medida de dissimilaridade. Foram aplicados o método hierárquico de ligações médias (UPGMA) e o método de otimização de Tocher. Os resultados evidenciaram que a metodologia multivariada permite identificar genótipos de maior divergência genética para utilização em programas de melhoramento da cana-de-açúcar. As melhores opções de cruzamentos, considerando a divergência e produtividade, são entre os clones RB992542 e RB992558 com a variedade SP79-1011 e do clone RB992558 com a variedade RB92579. Os caracteres percentagem aparente de sacarose contida no caldo de cana, toneladas de cana por hectare, percentagem aparente de sólidos solúveis contidos no caldo extraído da cana e altura de colmos foram os principais determinantes na quantificação da divergência genética.

**Palavras-chave:** Agrupamento, análise multivariada, *Saccharum* spp.

## Genotypic divergence between sugarcane genotypes

## ABSTRACT

The aim of this study was to evaluate the genetic divergence between seven standard-varieties and eleven RB (República do Brasil) sugarcane clones, by uni and multivariate techniques, based in ten agroindustrial characters. The experiment was developed in the agricultural area of Trapiche Sugar Mill - Sirinhaém, Pernambuco, Brazil, in the crop year 2005/2006. The experimental design was made in randomized blocks with four replications and eighteen treatments. Mahalanobis distance was used as dissimilarity measure. The hierarchical method of medium connections (UPGMA) and Tocher's optimization method were applied. The results evidenced that the multivariate methodology make possible to identify genotypes of higher genetic divergence to use in sugarcane improvement programs. The best crossings options, considering divergence and yield, are between the clones RB992542 and RB992558 with the variety SP79-1011 and of the clone RB992558 with the variety RB92579. The characters apparent sucrose percentage contained in sugarcane juice, tons of sugarcane per hectare, apparent soluble solids contained in sugarcane juice percentage and stalk height were the major determinants in the quantification of genetic divergence.

**Key words:** Grouping, multivariate analysis, *Saccharum* spp.

<sup>1</sup> Parte da dissertação de mestrado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal Rural de Pernambuco. PPGMGP - DEPA

<sup>2</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Agronomia, Área de Fitotecnia, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife-PE, Brasil. Fone: (81) 3302-1244. E-mail: franseol@uol.com.br; cjose@depa.ufrpe.br; desn@globo.com; luizjose@hotmail.com

## INTRODUÇÃO

Estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasmas (Cruz & Carneiro, 2003), pois geram informações úteis para a preservação e o uso dos acessos (Toquica et al., 2003).

Para quantificar a diversidade genética podem-se utilizar caracteres agronômicos, morfológicos, moleculares, entre outros. No caso de variáveis quantitativas, essa variabilidade pode ser acessada utilizando-se medidas de dissimilaridade, destacando-se, entre elas, a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Essa última leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mensuradas, quando o experimento se encontra sob delineamento experimental (Amorim et al., 2007).

Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a se obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos (Sneath & Sokal, 1973). No entanto há vários métodos de agrupamento, sendo os hierárquicos e os de otimização os mais utilizados no melhoramento de plantas. Nos métodos hierárquicos, os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, estabelecendo-se um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Nos métodos de otimização, por sua vez, os grupos são estabelecidos otimizando-se determinado critério de agrupamento, e difere dos métodos hierárquicos pelo fato de os grupos formados serem mutuamente exclusivos (Cruz & Carneiro, 2003).

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). Assim sendo, o uso generalizado de variedades comerciais adaptadas ao sistema agrícola, na maioria das vezes oriundas 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). Nesse contexto, 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 destes na produção de novas variedades promissoras (Palomino et al., 2005). Complementando esse entendimento Silva et al. (2007) retratam que para a cana-de-açúcar, a estimativa da divergência genética entre diferentes genótipos vem sendo estudada, visando a seleção de genitores para formação de híbridos ou mesmo a formação de novas populações segregantes, oriundas do intercruzamento de genótipos divergentes com características agronômicas superiores.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre sete variedades-padrão e onze clones RB de cana-de-açúcar, por meio de técnicas uni e multivariadas, com base em dez caracteres agroindustriais.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na área agrícola da Usina Trapiche, localizada no município de Sirinhaém/PE (8°35'S e 35°07'W), durante o ano agrícola 2005/2006 em Latossolo Vermelho Amarelo Distrófico textura argilosa, segundo a caracterização de Koffler et al. (1986). Durante o período de julho de 2005 a agosto de 2006, ciclo da cana-planta, foram observados 2.460 mm de precipitações pluviais.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições e dezoito genótipos de cana-de-açúcar, sendo sete variedades comerciais e onze clones RB, sendo um da série 98 e dez da série 99 (Tabela 1). A unidade experimental constou de cinco sulcos de 8,0 m de comprimento, com espaçamento de 1,0 m entre sulcos, contendo uma área útil de 40 m<sup>2</sup> por parcela. Os caracteres avaliados foram: 1) número de colmos (NC), obtido pela contagem do número total de colmos na fileira central, dividido pelo comprimento do sulco; 2) diâmetro do colmo (DC), obtido na altura média do colmo, com o auxílio de um paquímetro com precisão de 1 mm; 3) altura do colmo (AC), medida em centímetros, do nível do solo até a inserção da primeira folha, com o auxílio de uma trena graduada; 4) massa média de colmos (MMC), obtida através da pesagem dos colmos, em balança de prato com precisão de 10 g; 5) toneladas de cana por hectare (TCH), calculadas por meio da transformação do peso total das parcelas em toneladas por hectare; 6) tonelada de açúcar provável por hectare (TPH), obtida através da multiplicação do TCH pela porcentagem aparente de sacarose contida no caldo de cana (Pol % cana).

Na avaliação dos caracteres diâmetro dos colmos, massa média de colmos e altura do colmo, foram tomadas em cada parcela experimental, ao acaso, cinco plantas na fileira central, aos doze meses após o plantio, e consideraram-se os valores médios.

Para obtenção da tonelada de cana por hectare (TCH), foram colhidas canas dos cinco sulcos de cada parcela, aos 14 meses de idade da planta. Para determinação das características tecnológicas, retirou-se, por ocasião da colheita, uma amostra de dez colmos, ao acaso, para análise da porcentagem aparente de sacarose contida no caldo de cana (pol % cana), porcentagem de matéria insolúvel em água contida na cana (fibra % cana), porcentagem aparente de sólidos solúveis contidos no caldo extraído da cana (brix % cana) e porcentagem aparente de sacarose contida nos sólidos solúveis (pureza % no caldo da cana), segundo Fernandes (2003). Durante a condução do experimento foram realizados os tratos culturais exigidos para a cultura.

A análise de variância foi realizada para todos os caracteres e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott & Knott (1974), a 5% de probabilidade. A análise multivariada foi utilizada para quantificar a divergência genética. Empregou-se como técnica de agrupamento de otimização o método de Tocher (Rao, 1952) e para construir o dendrograma utilizou-se o método hierárquico do tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages), desenvolvido por Sokal & Michener (1958), com base na Distância Generalizada de Mahalanobis (Mahalanobis, 1936), cujos

**Tabela 1.** Identificação dos 18 genótipos de cana-de-açúcar quanto aos genitores e procedência. UFRPE, Recife - PE, 2008

**Table 1.** Identification of the 18 sugarcane genotypes as to genitors and origin. UFRPE, Recife - Pernambuco, 2008

Genótipos	Genitores		Procedência
	Feminino	Masculino	
1. SP78-4764 <sup>*</sup>	H56-2954	Desconhecido <sup>**</sup>	COPERSUCAR
2. SP79-1011 <sup>*</sup>	NA56-79	CO775	COPERSUCAR
3. RB 75126 <sup>*</sup>	C278	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
4. RB 763710 <sup>*</sup>	F147	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
5. RB 813804 <sup>*</sup>	CP48-124	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
6. RB 863129 <sup>*</sup>	RB 763411	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
7. RB 92579 <sup>*</sup>	RB 75126	RB72199	RIDESA
8. RB 982618	RB 72454	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
9. RB 992541	CO421	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
10. RB 992542	CP27-139	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
11. RB 992545	CP48-103	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
12. RB 992547	RB 853077	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
13. RB 992548	CO331	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
14. RB 992551	L62-96	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
15. RB 992558	RB 83102	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
16. RB 992559	RB 83102	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
17. RB 992570	SP70-1284	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA
18. RB 992571	SP70-1284	Desconhecido <sup>**</sup>	RIDESA

\*Variedades-padrão; \*\*Policruzamentos

resultados foram utilizados para comparação dos padrões de agrupamentos produzidos pelos dois métodos. Utilizou-se também o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa desses caracteres para a divergência genética. As análises uni e multivariadas foram realizadas utilizando-se o aplicativo genético-estatístico Genes (Cruz, 2006).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise da variância, constata-se que houve diferença significativa ( $P < 0,05$ ;  $P < 0,01$ ) entre as médias dos genótipos de cana-de-açúcar para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para porcentagem aparente de sólidos solúveis contidos no caldo extraído da cana (brix % na cana), porcentagem de matéria insolúvel em água contida na cana (fibra % cana) e porcentagem aparente de sacarose contida nos sólidos solúveis (pureza % no caldo da cana), o que indica boas condições para a seleção e também para a quantificação da divergência genética. O valor elevado do coeficiente de variação experimental ( $CV_E$ ) para a massa média de colmos (MMC), conforme classificação proposta por Gomes (1990) pode ser atribuído, em parte, à heterogeneidade dos dados e por ser este um caráter altamente influenciado pelo ambiente. Em geral, a precisão experimental pode ser considerada adequada, considerando-se os valores do coeficiente de variação experimental e a significância da

variabilidade genética entre os genótipos de cana-de-açúcar testados (Tabela 2).

Para os caracteres número de colmos (NC), massa média de colmos (MMC), tonelada de açúcar provável por hectare (TPH) e porcentagem aparente de sacarose contida no caldo de cana (pol % cana) foi observada a formação de dois grandes grupos, de acordo com o teste de agrupamento de Scott & Knott (1974). Evidentemente, o número de colmos (NC) e massa média de colmos (MMC) são caracteres secundários que influenciam fortemente na tonelada de colmo por hectare (TCH). Para o componente de produção NC a média ficou em 9,13 colmos por metro linear de sulco, variando entre 6,97 e 12,10, para o clone RB992545 e a variedade padrão RB92579, respectivamente, merecendo destaque o clone RB992548 que apresentou o maior NC (11,03 colmos por metro linear de sulco) entre os clones avaliados. A MMC apresentou média de 0,71 kg, variando entre 0,37 e 1,08 kg para a variedade padrão RB813804 e o clone RB992558, respectivamente. Os clones RB992542 e RB992558 merecem destaque por apresentarem os maiores valores, 1,02 kg e 1,08 kg, respectivamente. Oliveira (2007) analisando 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar da série RB03 encontrou resultado semelhante para média geral do caráter massa média de colmos (0,715 kg). Verifica-se que para a tonelada de açúcar provável por hectare (TPH), a média situou-se em 10,09, variando entre 7,46 e 12,92 para as variedades-padrão BR813804 e RB763710, merecendo destaque os clones RB992559 (12,02 t/ha), RB992545 (10,77 t/ha) e RB992551 (10,48 t/ha). O teor de sacarose aparente (Pol % cana) apresentou média de 13,53% variando entre 11,64 a 14,45% para a variedade padrão SP79-1011 e o clone RB992545. Concordando com esse resultado, Oliveira (2007) obteve média de 13,20%. Em relação aos caracteres AC e TCH, observou-se a formação de quatro e três grupos, respectivamente. Para AC a média situou-se em 238,09 cm, variando entre 199,50 e 331,45cm para a variedade padrão RB813804 e o clone RB992542, respectivamente. A tonelada de cana por hectare (TCH) apresentou média de 74,85 t/ha, variando entre 59,75 e 98,25 t/ha para as variedades-padrão RB813804 e RB763710, respectivamente.

O máximo valor de divergência genética estimado pelas distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D^2$ ) relativas aos 18 genótipos de cana-de-açúcar foi de  $D^2 = 74,95$  observado entre a variedade padrão RB813804 e o clone RB992542, ambos provenientes de policruzamento e diferentes progenitores femininos (CP48-124 e CP27-139, respectivamente), o que pode ter contribuído para a maior dissimilaridade existente entre eles. A menor distância ( $D^2 = 1,19$ ) foi obtida entre os clones RB992551 e RB992571, significando maior similaridade entre os genótipos para os caracteres considerados. Constata-se divergência genética para o clone RB992542 com as variedades padrão SP79-1011, RB813804, RB863129 e com os clones RB992545, RB982618 e RB992559 que mostraram valores altos de  $D^2$ .

Valores altos também foram observados para o clone RB992558 quando combinado com as variedades-padrão SP79-1011, RB813804 e RB92579. Tais genótipos merecem considerável atenção na seleção de materiais para posteriores

**Tabela 2.** Médias dos caracteres número de colmos (NC), diâmetro de colmos (DC), altura de colmos (AC), massa média de colmos (MMC) avaliados aos 12 meses, tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de açúcar provável por hectare (TPH), pol % cana, brix % cana, fibra % cana e pureza % cana, avaliados aos 14 meses de idade da cana-planta, teste F (tratamentos) e coeficiente de variação experimental (CV<sub>E</sub> %). UFRPE, Recife - PE, 2008.

**Table 2.** Means of the characters stalk number (NC), stalk diameter (DC), stalk height (AC), stalk average mass (PMC) appraised on the 12<sup>th</sup> month of age, ton of sugarcane per hectare (TCH), ton of sugar per hectare (TPH), pol % can, brix % cane, fiber % cane and purity per cent cane, appraised on the 14<sup>th</sup> month of age, F test (treatments) and experimental variation coefficient (CV<sub>E</sub> %). UFRPE, Recife - Pernambuco, 2008

Genótipos	Caracteres									
	NC	DC (cm)	AC (cm)	MMC (kg)	TCH (t ha <sup>-1</sup> )	TPH (t ha <sup>-1</sup> pol)	Pol % cana	Brix % cana	Fibra % cana	Pureza % cana
SP78-4764*	9,85a	2,50a	265,40b	0,92a	82,25b	11,64a	14,16a	19,63a	13,20a	86,95a
SP79-1011*	10,75a	2,48a	222,10d	0,70b	84,75b	9,79b	11,64b	17,00a	14,03a	83,65a
RB75126*	10,25a	2,70a	240,80c	0,85a	79,25b	11,15a	14,08a	19,63a	13,40a	86,73a
RB763710*	9,07b	2,37a	245,35c	0,68b	98,25a	12,92a	13,17b	18,88a	13,30a	84,17a
RB813804*	10,88a	2,30a	199,50d	0,37b	59,75c	7,46b	12,60b	18,78a	13,92a	82,06a
RB863129*	9,25b	2,39a	208,30d	0,64b	62,25c	8,12b	13,15a	18,41a	13,24a	86,26a
RB92579*	12,10a	2,45a	247,15c	0,69b	89,25a	12,09a	13,56a	19,27a	14,40a	86,70a
RB982618	9,44b	2,62a	209,00d	0,77b	66,00c	9,26b	14,13a	19,92a	13,18a	85,43a
RB992541	7,91b	2,29a	226,75c	0,54b	63,75c	8,67b	13,70a	19,27a	13,84a	86,70a
RB992542	8,41b	2,43a	331,45a	1,02a	72,25c	9,03b	12,54b	18,21a	13,66a	83,73a
RB992545	6,97b	2,51a	206,30d	0,71b	74,75c	10,77a	14,45a	20,15a	12,37a	85,27a
RB992547	8,66b	2,52a	247,95c	0,76b	68,50c	9,42b	13,93a	19,30a	12,81a	86,30a
RB992548	11,03a	2,16a	227,30c	0,47b	69,25c	9,47b	13,75a	19,19a	12,14a	84,75a
RB992551	7,41b	2,40a	232,10c	0,70b	77,75b	10,48a	13,52a	19,25a	13,53a	85,24a
RB992558	7,94b	2,42a	286,60b	1,08a	68,75c	9,70b	13,97a	19,44a	12,05a	84,52a
RB992559	8,38b	2,39a	219,15d	0,60b	84,00b	12,02a	14,26a	20,02a	13,16a	85,85a
RB992570	8,38b	2,17a	231,65c	0,56b	73,50c	9,41b	12,94b	18,53a	14,58a	86,17a
RB992571	7,75b	2,57a	238,85c	0,78b	73,00c	10,23b	14,03a	19,72a	13,12a	85,69a
Média geral	9,13	2,42	238,09	0,71	74,85	10,09	13,53	19,14	13,33	85,34
F (tratamentos)	5,2768**	1,495 <sup>ns</sup>	10,7608**	2,9255**	5,5403**	5,1931**	2,0751*	1,9422 <sup>ns</sup>	1,9182 <sup>ns</sup>	1,5253 <sup>ns</sup>
CV <sub>E</sub> (%)	13,54	9,44	8,15	29,50	11,45	12,68	7,54	5,73	7,58	2,51

Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, pertencem ao mesmo grupo pelo teste de agrupamento de Scott e Knott (1974), a 5% de probabilidade

\* Variedades-padrão; \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; <sup>ns</sup> não significativo

hibridações, pois, devido à divergência genética, espera-se a produção de híbridos de maior efeito heterótico. Neste contexto, Amaral Jr (1996) relatou que é importante estudar o efeito de cada genótipo, observando-se suas respectivas performances em cruzamentos, antes de indicá-lo para utilização efetiva em um programa de melhoramento.

Os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética na população avaliada foram Pol % cana, TCH, Brix % cana e AC, totalizando 75,32% (Tabela 3). Entre os caracteres avaliados por Silva et al. (2005) em um estudo de divergência genética de clones RB da série 91 de cana-de-açúcar, os que mais contribuíram para divergência genética foram o número de colmos por parcela, o teor de brix (%) cana e a produção de açúcar por parcela.

Os coeficientes de herdabilidade média avaliados nesse estudo foram considerados altos, de acordo com a classificação proposta por Rezende (2002), para os caracteres NC, AC, PMC, TCH e TPH, Pol % cana, Brix % cana e Pureza % cana, refletindo considerável presença do componente genético na expressão dos respectivos caracteres, indicando a possibilidade de êxito na seleção (Tabela 4). Esses resultados são concordantes com os registrados por Kang et al. (1983) para número de colmos,

massa média de colmos, brix % cana, tonelada de cana por hectare e tonelada de açúcar por hectare, com Sharma & Singh (1984) e Ferreira et al. (2007) para massa média de colmos e com Melo et al. (2006), para produtividade de cana e açúcar, pol % cana, brix % cana, teor de fibra % cana e pureza % caldo da cana.

Adicionalmente à herdabilidade, o coeficiente de variação genética (CVg) e o índice b (razão entre o coeficiente de variação genética (CVg) e o coeficiente de variação experimental (CVe)) também são parâmetros utilizados na quantificação da diversidade genética disponível na população, quando se deseja determinar o seu potencial para fins de melhoramento. A relação CVg/CVe de magnitude superior a 1,0 mostra condições adequadas ao melhoramento, o que pode ser observado para os caracteres NC, PMC, TCH, Pol % cana e Brix % cana, indicando que o componente genético foi mais importante que o ambiental.

A utilização do método de Otimização de Tocher, fundamentado na dissimilaridade expressa pelas distâncias de Mahalanobis, possibilitou a distribuição dos 18 genótipos em quatro grupos distintos (Tabela 4). O grupo I englobou a maioria dos clones RB e a maioria das variedades-padrão, ambos provenientes de policruzamento, correspondendo a



**Tabela 3.** Importância relativa de dez caracteres agroindustriais para estudo da diversidade genética em 18 genótipos de cana-de-açúcar e parâmetros associados a esses caracteres. UFRPE, Recife - PE, 2008

**Table 3.** Relative importance of ten agroindustrial characters for genetic diversity study in 18 sugarcane genotypes and the parameters associated to them. UFRPE, Recife - Pernambuco, 2008

Características	<i>s.j</i>	<i>s.j</i> (%)	Herdabilidade( $h^2m$ )	<i>CVg</i>	<i>CVg/CVe</i>
NC	538,29	6,15	81,05	14,00	1,03
DC	139,09	1,59	33,11	3,32	0,35
AC	993,38	11,34	65,82	20,47	0,69
MMC	156,63	1,79	83,97	12,10	1,14
TCH	1981,83	22,63	90,71	12,73	1,56
TPH	501,82	5,73	68,82	16,29	0,74
Pol % cana	2085,37	23,81	81,95	12,20	1,07
Brix % cana	1536,21	17,54	80,74	12,98	1,02
Fibra % cana	104,17	1,19	47,87	3,63	0,48
Pureza % cana	721,91	8,24	51,81	3,91	0,52

*S.j*: contribuição da variável *x* para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos *i* e *j*; *CVg*: coeficiente de variação genética, *CVe*: coeficiente de variação ambiental, NC: número de colmos, DC: diâmetro de colmos, AC: altura de colmos, MMC: massa média de colmos, TCH: tonelada de cana por hectare, TPH: tonelada de açúcar provável por hectare, pol % cana, brix % cana, fibra % cana, e pureza % no caldo da cana

**Tabela 4.** Formação dos grupos de dissimilaridade pelo método de Tocher a partir das distâncias de Mahalanobis, estimadas para sete variedades e onze clones RB de cana-de-açúcar, avaliados para dez caracteres agroindustriais. UFRPE, Recife - PE, 2008

**Table 4.** Formation of the dissimilarity groups using Tocher's method based on Mahalanobis distances, estimated for seven varieties and eleven RB sugarcane clones, evaluated for ten agroindustrial characters. UFRPE, Recife - Pernambuco, 2008

Grupos	Genótipos	%
I	RB992551, RB992571, RB992541, RB992547, RB992570, SP78-4764*, RB75126*, RB992559, RB982618, RB992545, RB863129*, RB992548 e RB763710*	72,2
II	SP79-1011* e RB92579*	11,1
III	RB992542 e RB992558	11,1
IV	RB813804*	5,6

\*Variedades-padrão

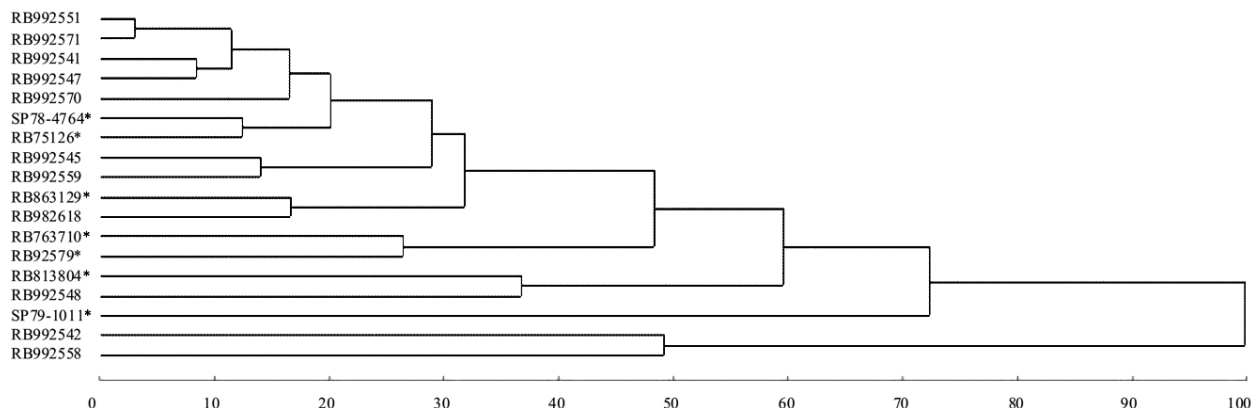
72,2% dos genótipos estudados. Os clones RB992570 e RB992571, agrupados dentre os genótipos do grupo I, possuem a mesma constituição genética materna (SP70-1284). Já os clones RB992558 e RB992559, apesar de possuírem a mesma constituição genética feminina (RB83102), foram agrupados em diferentes grupos (III e II respectivamente). Esse resultado é comum neste tipo de análise, em que os primeiros grupos concentram a maior parte dos indivíduos e os últimos grupos concentram menores números, a exemplo de vários trabalhos com diferentes culturas: Cruz et al. (2004) com trigo; Sudre et al. (2005) com pimenta e pimentão; Moraes et al. (2005) com soja; e Barbosa (2001) com cana-de-açúcar. Porém, a alta porcentagem de indivíduos em apenas um grupo indica a baixa divergência encontrada, conforme estabelece os autores citados.

O grupo II foi constituído por duas variedades-padrão SP79-1011 e RB92579, provenientes de cruzamento bi-parental. O grupo III foi formado por dois clones RB992542 e RB992558. O grupo IV foi representado apenas pela variedade padrão RB813804 também proveniente de policruzamento.

Estes resultados evidenciaram haver uma base genética restrita, pois houve a formação de um grupo com grande número de genótipos. Resultados semelhantes foram

encontrados por Silva et al. (2005), que ao estudarem a divergência genética de clones RB da série 91 de cana-de-açúcar, avaliados na terceira fase de seleção, relataram haver grande similaridade entre clones desta série devido à base genética restrita, pois observaram um grupo com aproximadamente 83% dos genótipos avaliados; e também aos encontrados por Oliveira (2007), que ao analisar 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar da série RB03, verificou a formação de 18 grupos e o primeiro foi constituído por 52,9% das famílias estudadas.

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-Pipolo 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 agrônômicas importantes. Sendo assim, recomenda-se o cruzamento bi-parental dos clones RB992542 e RB992558 com a variedade SP79-1011; e do clone RB992558 com a variedade RB92579, por serem os mais divergentes e os mais produtivos, aliados aos caracteres NC, MMC e TCH; NC, AC e TPH.



**Figura 1.** Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), com base na distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), para as sete variedades-padrões e 11 clones RB de cana-de-açúcar. UFRPE, Recife - PE, 2008. \*Variedades-padrões

**Figure 1.** Illustrative Dendrogram of the dissimilarity pattern, established by the method of average connections (UPGMA), based on Mahalanobis distance ( $D^2$ ), for the seven standard-varieties and 11RB sugarcane clones. UFRPE, Recife - Pernambuco, 2008. \*Standard-varieties

Os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA agruparam de forma similar os 18 genótipos de cana-de-açúcar quanto à dissimilaridade, sendo os genótipos, porém, no UPGMA, distribuídos em dois grupos (Figura 1). O grupo I englobou a maioria dos genótipos estudados e o grupo II correspondeu exatamente ao grupo III do método de Tocher. Essa semelhança reforça as possíveis recomendações de cruzamento entre os genótipos analisados.

## CONCLUSÕES

A metodologia multivariada permite identificar genótipos de maior divergência genética para utilização em programas de melhoramento da cana-de-açúcar.

Para fins de melhoramento genético dos genótipos analisados, os possíveis cruzamentos entre os clones mais divergentes e agronomicamente superiores RB992542 e RB992558 com a variedade SP79-1011 e do clone RB992558 com a variedade RB92579, podem resultar em novas combinações gênicas, reunindo um maior número de genes favoráveis atualmente presente nas melhores variedades.

Os caracteres pol % cana, toneladas de cana por hectare, brix % cana e altura de colmos foram os principais determinantes na quantificação da divergência genética.

## AGRADECIMENTOS

Ao Convênio PROMATA/FACEPE/UFRPE pelo auxílio financeiro recebido através do Programa de Apoio ao Desenvolvimento Sustentável a Zona da Mata de Pernambuco (PROMATA), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), ao Programa de Melhoramento da Cana-de-açúcar da UFRPE (PMCCA/UFRPE/RIDES) e à Usina Trapiche pelo apoio recebido para viabilização e execução da pesquisa.

## LITERATURA CITADA

- 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*, v.5, n.3, p.318-324, 2005.
- Amaral Jr., A.T. Análise dialélica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill) via marcadores RAPD. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 194p. Tese Doutorado.
- Amorim, E.P.; Ramos, N.P.; Ungaro, M.R.G.; Kiih, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. *Ciência e Agrotecnologia*, v.31, n.6, p.1637-1644, 2007. Crossref
- Barbosa, M.H.P. Study of genetic divergence in sugarcane varieties grown in Brazil using the parentage coefficient. *International Sugar Journal*, v.103, n.1231, p.294-295, 2001.
- Carpentieri-Pipolo, 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. Crossref
- Cruz, C.D. Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2006. 442 p.
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.C S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2003. 585 p.
- Cruz, P.J.; Carvalho, F.I.F.; Oliveira, A.C.; Benin, G.; Vieira, E.A.; Silva, J.A.G.; Valerio I.P.; Hartwig, I.; Busato, C.C. Genetic dissimilarity among wheat genotypes for lodging-associated traits. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.4, n.4, p.427-433, 2004.
- Fernandes, A. Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar. 2.ed. Piracicaba: Ed. EME, 2003. 240 p.
- Ferreira, F.M.; Barros, W.S.; Silva, F.L.; Barbosa, M.H.P.; Cruz, C.D.; Bastos, I.T. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar. *Bragantia*,

- v.66, n.4, p.605-610, 2007. Crossref
- Gomes, F.P. Curso de estatística experimental. 13. ed. Piracicaba: Ed. da USP, 1990. 467p.
- Kang, M.S.; Miller, J.D.; Tai, P.Y.P. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. *Crop Science*, v.23, n.4, p.643-647, 1983. Crossref
- Koffler, N.P.; Lima, J.F.W.F.; Lacerda, J.F.; Santana, J.F.; Silva, M.A. Caracterização edafo-climática das regiões canavieiras do Brasil: Pernambuco. Piracicaba: Planalsucar, 1986. 78p.
- Mahalanobis, P.C. On the generalized distance in statistic. *Proceedings of the National Institute of Science*, v.2, n.1, p. 9-55, 1936.
- Melo, L.J.O.T.; Oliveira, F.J.; Bastos, G.Q.; Anunciação Filho, C.J.; Reis, O.V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. *Bragantia*, v. 65, n. 2, p. 197-205, 2006. Crossref
- 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*, v.5, n.3, p.340-347, 2005.
- Oliveira, R.A. Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2007. 142p. Tese Doutorado.
- 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*, v.5, n.1, p.80-85, 2005.
- Rao, R. C. Advanced statistical methods in biometric research. New York: J. Wiley, 1952. 390 p.
- Resende, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília, DF: Embrapa, 2004. 975p. (Informação Tecnológica).
- Scott, A.J.; Knott, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, v.30, n.3, p.507-512, 1974. Crossref
- Sharma, M.L.; Singh, H.N. Genetic variability, correlation and path-coefficient analysis in hybrid populations of sugarcane. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, v.54, n.2, p.101-109, 1984.
- Silva, C.M.; Gonçalves-Vidigal, M.C.; Filho, P.S.V.; Scapim, C.A.; Daros, E.; Silverio, L. Genetic diversity among sugarcane clones (*Saccharum* spp.). *Acta Scientiarum Agronomy*, v.27, n.2, p.315-319, 2005. Crossref
- Silva, P.P.; Soares, L.; Ramalho Neto, C.E.; Barbosa, G.V.S.; Santos, J.M. Diversidade genética em cana-de-açúcar baseada em caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares RAPD. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 4., 2007, São Lourenço. Anais. São Lourenço: SBMP, 2007. CD Rom.
- Singh, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, v.41, n.1, p.237-245, 1981.
- Sneath, P.H., Sokal, R.R. Numerical Taxonomy: the principles and practice of numerical classification. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. 573p.
- Sokal, R.R.; Michener, D. A statistical method for evaluation systematic relationships. *University of Kansas Scientific Bulletin*, n.38, p.1409-1438, 1958.
- Sudre, 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*, v.23, n.1, p.22-27, 2005. Crossref
- Toquica, S.P.; Rodríguez, F.; Martinez, E.; Duque, M.C.; Tohme, J. Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon Department in Colombia, Characterization by AFLPs of *Capsicum*. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v.50, n.6, p.639-647, 2003. Crossref