



Scientia Agraria

ISSN: 1519-1125

sciagr@ufpr.br

Universidade Federal do Paraná
Brasil

OLIVEIRA, Ricardo Augusto de; DAROS, Edelclaiton; BESPALHOK-FILHO, João Carlos; Camargo ZAMBON, José Luis; Teruyo IDO, Oswaldo; WEBER, Heroldo; Vilela de RESENDE, Marcos Deon;

ZENI-NETO, Hugo

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA MODELOS MISTOS

Scientia Agraria, vol. 9, núm. 3, 2008, pp. 269-274

Universidade Federal do Paraná

Paraná, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=99516777001>

- 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 DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA MODELOS MISTOS

SELECTION OF SUGARCANE FAMILIES BY MIXED MODELS

Ricardo Augusto de OLIVEIRA¹;
Edelclaiton DAROS²;
João Carlos BESPALHOK-FILHO²;
José Luis Camargo ZAMBON²
Oswaldo Teruyo IDO²;
Heroldo WEBER³
Marcos Deon Vilela de RESENDE⁴
Hugo ZENI-NETO⁵

RESUMO

O objetivo deste trabalho, selecionar famílias superiores de cana-de-açúcar oriundas de cruzamentos biparentais, para produção de biomassa via modelos mistos. Adotou-se a metodologia REML/BLUP, onde o REML permitiu estimar a variância genética e o BLUP a estimar os valores genéticos das famílias utilizadas no presente estudo. Foram utilizadas 80 famílias originadas de cruzamentos biparentais da série RB03, provenientes de cruzamentos realizados na Estação de Cruzamentos Serra do Ouro, Município de Murici, Alagoas, no ano de 2003. O trabalho foi conduzido em área experimental, localizada no Município de São Tomé, Paraná. O delineamento estatístico do experimento foi em blocos incompletos, com cinco repetições por família. Cada parcela foi composta de dez plantas. Para seleção das famílias superiores adotou-se a produção de biomassa expressa em tonelada de cana por hectare (TCH). De acordo com os resultados obtidos, verificou-se que a herdabilidade individual (h_a^2) apresentou média magnitude (0,22), enquanto que em nível de famílias a herdabilidade média das famílias (h_{mf}^2) foi alta magnitude (0,73). Ao realizar a seleção das famílias com valores genotípicos acima da média experimental, estima-se ganhos significativos para TCH. Sendo que as cinco melhores famílias para TCH foram originadas dos cruzamentos biparentais RB825336 e SP80-1816, RB825548 e RB855156, SP80-3280 e RB845257, RB83102 e RB855113, RB8495 e RB835089.

Palavras-chave: *Saccharum* spp, estratégias de seleção, REML/BLUP, melhoramento de cana-de-açúcar.

ABSTRACT

The objectives of this work were to select superior families and parents of sugarcane originated from biparental crosses, for biomass production using mixed models: REML/BLUP. The REML/BLUP methodology was adopted, with the REML used for estimation of the genetic variance, and the BLUP for the estimation of genetic values of families. For this study, 80 full-sib families from RB03 series were used, originated from crosses made on Serra do Ouro Station, County of Murici, Alagoas, in 2003. The experiment was installed in an experimental area, County of São Tomé, Paraná. The experimental design used was incomplete blocks, with five replications per family. Each replication was composed by ten plants. For selection of superior families, tons of canes per hectare (TCH) were considered. According to the obtained results, the analyzed characters showed individual heritabilities (h_a^2) from medium magnitudes (0.22), while the heritabilities from family means (h_{mf}^2) ranged from 0.73. The selection of families with genotypic values greater than the average trial, it is estimated significant profits of TCH. Based on TCH the best families were RB825336 e SP80-1816, RB825548 e RB855156, SP80-3280 e RB845257, RB83102 e RB855113, RB8495 e RB835089.

Key-words: *Saccharum* spp, selection strategies, REML/BLUP, sugarcane breeding.

1 Eng. Agr. Dr., Pesquisador do PMGCA/UFPR/RIDES. *Autor para correspondência <E-mail: rico@ufpr.br>

2 Prof. Dr. Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, UFPR.

3 Eng. Agr. Dr. Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, UFPR.

4 Pesquisador da Embrapa Florestas, Caixa Postal 319, CEP 83411-000, Colombo, PR.

5 Doutorando do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento Genético de Plantas, Universidade Estadual de Maringá, PR.

INTRODUÇÃO

Uma das etapas importantes no melhoramento da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) corresponde à fase inicial, denominada de T1. Nesta fase são produzidos milhares de indivíduos heterozigotos, provenientes de hibridações entre genitores previamente selecionados (CESNIK e MIOQUE, 2004). Para esta fase, a seleção de famílias pode ser preferida quando a seleção é praticada com base em caracteres de baixa herdabilidade individual. O processo de seleção torna-se mais efetivo, pois estes caracteres de baixa herdabilidade, quando analisados em estudos de famílias, 75% a 80% da variação fenotípica podem ser explicados devidos aos fatores genéticos (BRESIANI, 2001).

A seleção quando praticada em famílias com elevados valores genotípicos pode possibilitar maior probabilidade de encontrar clones superiores em suas respectivas progênies (BARBOSA et al., 2005; RESENDE et al., 2005). Atualmente, para este estudo de famílias tem se adotado a metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, que permite estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos das famílias de cana-de-açúcar (RESENDE, 2002a).

Um caractere de seleção de baixa herdabilidade individual refere-se a produção em tonelada de cana por hectare (TCH), sendo que a identificação de novas famílias promissoras para esta característica é importante para um programa de melhoramento genético, pois podem fornecer maior número de clones potenciais e que poderão se tornar novas cultivares de cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2004).

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e selecionar famílias de cana-de-açúcar oriundas de cruzamentos biparentais promissoras para a tonelada de cana por hectare (TCH) por meio da metodologia dos modelos mistos, REML/BLUP.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido a campo em área experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da UFPR, localizada em área comercial da Usina Cocamar, situada no Município de São Tomé, Região Noroeste do Estado do Paraná.

No estudo, foram utilizadas 80 famílias de irmãos-germanos, da série RB03, oriundos de cruzamentos biparentais realizados na Estação de Cruzamento da Serra do Ouro (PMGCA/UFAL), Município de Murici, Alagoas, no ano de 2003. As progênies oriundas dos cruzamentos biparentais foram plantadas e mantidas em casa-de-vegetação do PMGCA/UFPR, localizada na Estação Experimental de Paranaíba, Município de Paranaíba,

no Estado do Paraná e as plântulas foram transplantadas para o campo no mês de abril de 2004. O experimento foi colhido na cana-planta em abril de 2005, sendo avaliado o ciclo de cana-soca em abril de 2006.

O delineamento experimental foi em blocos incompletos, sendo os tratamentos compostos pelas 80 famílias de irmãos-germanos, obtidas a partir dos cruzamentos biparentais. A parcela experimental foi composta por dez plantas dispostas em linha e espaçadas entre si em 0,5 m. O espaçamento entre parcela/linha foi de 1,4 m. As variáveis amostradas a campo foram: número de colmo por touceira, massa média de colmos (kg). Posteriormente foi estimada a produção de biomassa em t cana ha⁻¹ (TCH), que foi calculada em função da massa média de colmo (M1C), o número de perfilhos por metro linear (NPM) e um fator de correção em função do espaçamento, conforme descrito na fórmula:

$$TCH = (M1C \times NPM) \times 1000 / ESP.$$

Onde, ESP refere-se ao espaçamento entre sulco (1,4 m).

Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, onde o REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genéticos aditivos e genotípicos, sendo adotado o modelo estatístico associado à avaliação de famílias de irmãos-germanos obtidas sob cruzamento dialélico desbalanceado, no delineamento de blocos incompletos, com várias plantas por parcela, considerando a equação matricial descrita abaixo:

$$y = Xr + Za + Wp + Sf + Tb + e$$

Em que:

y : vetor de dados;

r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a : vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p : é o vetor de efeitos de parcelas (aleatórios);

f : vetor dos efeitos genéticos de dominância associado a famílias de irmãos-germanos (assumidos como aleatórios);

b : vetor dos efeitos dos blocos incompletos (aleatórios);

e : vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X , Z , W , S , e T = representam as matrizes de incidência para os efeitos de r , a , p , f , e b , respectivamente.

Para análise dos dados adotou-se o modelo 35, para dialelos não aparentados, do programa computacional Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2002b).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os parâmetros genéticos estimados pelo REML/BLUP no estudo de 80 famílias de irmãos-germanos estão apresentados na Tabela 1. Os coeficientes de variação genética indicaram haver variabilidade com possibilidade de seleção para os caracteres número de perfilhos por touceira,

massa média de touceira e tonelada de cana por hectare (TCH), pois os coeficientes de variação genética (CV_{gi} %) situaram-se entre 18,95% a 36,02%. Valores acima de 10% já indicam haver presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção (OLIVEIRA et al., 2005; BASTOS et al. 2007).

TABELA 1 - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: número de perfilhos por touceira, massa média de colmo (kg) e tonelada de cana por hectare (TCH), a partir de 80 famílias de irmão-germano de cana-de-açúcar, da série RB03. Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Parâmetros *	Nº perfilho/ touceira	Massa média de colmo (kg)	TCH
σ_a^2	3,51999	0,03559	955,85298
σ_{par}^2	0,16603	0,00541	743,71513
σ_d^2	0,61899	0,02721	421,65362
σ_{bl}^2	1,20355	0,00055	88,28056
σ_e^2	32,06929	0,25363	2093,99111
σ_y^2	37,57785	0,32238	4303,49339
σ_p^2	2,96355	0,01835	566,20705
\hat{h}_a^2	0,09367 ± 0,019	0,11039 ± 0,021	0,22211 ± 0,031
\hat{h}_g^2	0,15956	0,44797	0,61403
\hat{h}_{mf}^2	0,80677	0,73810	0,73880
Ac _{fam}	0,89820	0,85913	0,85953
CV _{gi} (%)	20,44391	18,95730	36,02656
CVr	0,91381	0,75077	0,75213
Média Geral	8,42058	0,71450	64,0828

* Herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), herdabilidade

da média da família no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2), variância genética aditiva (σ_a^2), variância entre parcelas (σ_{par}^2),

variância genética de dominância entre famílias (σ_d^2), variância entre blocos (σ_{bl}^2), variância residual entre

parcelas (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_y^2), variância genotípica entre famílias (σ_p^2), acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}), coeficiente de variação genética ($CV_{gi}(\%)$), coeficiente de variação relativa (CVr) e Média Geral.

Outro fator importante refere-se a origem dos efeitos genéticos, pois para o caractere de seleção TCH, a variação genética foi explicada pelos efeitos genéticos aditivos e pelos efeitos genéticos de dominância. Portanto, houve cruzamentos que

superaram a média dos genitores, podendo estes serem utilizados para produzir maior número de plântulas que seriam exploradas para a identificação de clones potenciais (Tabela 1) (RESENDE e BARBOSA, 2005).

Comparando-se a seleção individual, também denominada de seleção massal, com a seleção de famílias, verificou-se menor eficiência seletiva para os caracteres número de perfilhos por touceira, massa média de colmo (kg) e TCH, pois as suas respectivas herdabilidades individuais foram inferiores as estimativas de herdabilidades em nível de médias de famílias no sentido amplo (\hat{h}_{mf}^2). Como a apresentaram valores médios a altos, variando entre 0,73 para TCH a 0,80 para o caráter número de colmos por touceira, o que permitiu obter elevadas acurácias para a seleção entre famílias superiores, com base nestes caracteres de seleção (0,85 a 0,89).

Visando identificar famílias promissoras em TCH, verificou-se que a seleção entre famílias ($\hat{h}_{mf}^2=0,73$) seria efetiva, pois para o presente trabalho permitiu uma acurácia seletiva entre famílias superior a 85%. Considerando a importância de selecionar novos genótipos de cana-de-açúcar que tenham maior produtividade por área (TCH), são apresentados na Tabela 2, os valores genotípicos das famílias de irmãos-germanos avaliadas no presente trabalho. Verificou-se que das 80 famílias avaliadas, 33 famílias apresentaram valores genotípicos superiores a média experimental (TCH = 64,08). Isto indicaria haver grande probabilidade de encontrar novos genótipos promissores em produção de cana por hectare dentro destas melhores famílias. Uma forma de explorar o potencial destas famílias seria realizar o plantio de plântulas em maior número para estas famílias, sendo posteriormente realizada a seleção individual com base nesta característica (RESENDE e BARBOSA, 2005).

A melhor família apresentou valor genotípico (Vgf) de 171,47 (TCH), sendo proveniente do cruzamento entre os genitores RB825336 (feminino) e SP80-1816 (masculino). Neste sentido, a exploração de cruzamentos com valores genotípicos superiores seriam importantes, pois visaria à identificação de clones potenciais e com maior probabilidade de serem promissores para produção de biomassa (TCH). A exploração das famílias superiores pode possibilitar que maior número de clones potenciais avance para as etapas seguintes do melhoramento genético da cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2005; RESENDE e BARBOSA, 2005). Neste sentido RESENDE e BARBOSA (2006), ao descreverem a metodologia BLUPIS (BLUP individual simulado), relataram que

a seleção de indivíduos dentro das famílias deve-se levar em conta o valor genotípico das famílias, sendo que as melhores famílias seriam selecionadas maior número de clones potenciais. De acordo com os resultados do presente trabalho, nota-se que se selecionarem as cinco melhores famílias (RB825336 e SP80-1816, RB825548 e RB855156, SP80-3280 e RB845257, RB83102 e RB855113, RB8495 e RB835089.) o ganho seletivo seria superior a 75%, o que possibilitaria maior probabilidade de selecionar clones potenciais para TCH dentro destas. Para as dez melhores famílias este ganho seria em torno de 56% e considerando as 33 famílias com valores genotípicos positivos, este ganho seria de 27%, ou seja, ganho genotípico de 23 t ha⁻¹ para o caractere TCH.

Nota-se ainda que foram identificadas famílias com valores genotípicos para o caractere TCH, abaixo da média geral. Visando aumentar a eficiência seletiva, as famílias com valores genotípicos abaixo da média experimental podem ser descartadas devido a baixa probabilidade de selecionar clones promissores em TCH dentro destas, conforme relatam RESENDE e BARBOSA (2006). Importante ainda, realizar novos trabalhos com a seleção de famílias, visando identificar a interação famílias superiores e a interação com os vários ambientes de seleção, pois haveria a tendência de ocorrer interação famílias e ambientes de seleção (BRESSIONI, 2001).

CONCLUSÕES

A seleção das famílias com valores genotípicos acima da média experimental, possibilitou ganhos significativos para tonelada de cana por hectare (TCH). Sendo que as cinco melhores famílias para TCH foram RB825336 e SP80-1816, RB825548 e RB855156, SP80-3280 e RB845257, RB83102 e RB855113, RB8495 e RB835089.

A variação genética para o caractere produção de biomassa (TCH) foi explicada pelos efeitos genéticos aditivos e pelos efeitos genéticos de dominância.

A seleção de famílias por meio de modelos mistos REML/BLUP pode ser uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos, aonde haveria maior probabilidade de seleção de clones potenciais.

TABELA 2 – Valores genotípicos (Vgf) das 80 famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar, da série RB03, para a produtividade em tonelada de cana por hectare (TCH). Município de São Tomé, PR, 2004-2006.

Clas*	Famílias **			Vgf	Clás*	Famílias **			Vgf
	Feminino		Masculino			Feminino		Masculino	
1***	RB825336	X	SP80-1816	171,478	41	RB925211	X	RB835486	59,074
2	RB825548	X	RB855156	137,789	42	RB947501	X	RB855035	58,754
3	SP80-3280	X	RB845257	118,427	43	RB946903	X	RB925345	56,919
4	RB83102	X	RB855113	114,889	44	TUC71-7	X	RB92579	56,493
5	RB8495	X	RB835089	112,047	45	RB945991	X	RB855595	55,142
6	RB835089	X	RB867515	105,509	46	RB855511	X	SP80-3280	54,215
7	SP70-1143	X	SP77-5181	105,347	47	TUC71-7	X	RB806043	54,057
8	RB8495	X	RB8317	99,403	48	RB947501	X	RB855156	54,012
9	RB735200	X	SP77-5181	90,721	49	RB835468	X	RB925211	53,146
10	RB835054	X	RB931555	90,556	50	RB75126	X	Q124	51,618
11	RB813804	X	RB845197	90,127	51	RB966928	X	RB855046	50,415
12	RB925211	X	RB8495	89,916	52	RB945961	X	RB855595	50,016
13	RB912850	X	SP80-1816	87,445	53	RB8317	X	RB8495	49,465
14	RB855156	X	SP80-1816	85,802	54	RB947501	X	RB867515	48,367
15	RB966928	X	RB835054	84,732	55	RB925345	X	RB946903	47,962
16	RB855511	X	SP80-1816	81,572	56	RB72454	X	RB855046	47,093
17	RB835089	X	RB8495	81,005	57	RB845210	X	RB867515	46,973
18	SP83-2847	X	RB956911	80,075	58	SP83-2847	X	TUC71-7	46,930
19	SP83-5073	X	RB867515	78,506	59	RB855595	X	RB855536	46,921
20	RB855156	X	RB925453	78,353	60	IAC87-3396	X	RB855036	45,745
21	RB93509	X	SP77-5181	78,169	61	RB75126	X	RB855463	45,222
22	CO62-175	X	RB92579	77,575	62	RB956911	X	SP83-2847	44,965
23	SP70-2233	X	TUC7742	76,857	63	RB855511	X	RB867515	44,945
24	RB8317	X	RB925345	76,362	64	RB855511	X	RB925345	44,839
25	RB768647	X	RB92579	72,833	65	RB946022	X	RB92579	43,223
26	SP83-2874	X	RB855463	70,401	66	RB855595	X	RB945961	42,636
27	SP83-2874	X	RB855463	67,909	67	RB855511	X	RB855206	42,236
28	RB75126	X	RB865463	67,266	68	RB855035	X	RB946903	40,180
29	RB947501	X	SP80-3280	66,488	69	RB83102	X	RB93509	39,298
30	RB946903	X	RB925345	66,317	70	RB75126	X	RB865463	38,956
31	RB92606	X	RB92579	65,854	71	RB945961	X	RB855595	38,849
32	RB93509	X	RB925211	65,628	72	RB855536	X	RB855156	38,661
33	RB72454	X	RB855206	65,572	73	RB83102	X	SP79-1011	37,143
34	RB946903	X	RB855035	64,060	74	RB855511	X	RB925453	33,493
35	RB912825	X	RB946022	63,239	75	IAC87-3396	X	RB855036	32,118
36	RB855463	X	RB92579	63,172	76	L6014	X	RB855536	31,554
37	RB813804	X	RB93509	62,907	77	RB855536	X	SP80-1842	30,382
38	RB93509	X	SP70-1143	61,991	78	RB855511	X	SP83-5073	29,786
39	RB72454	X	RB835486	61,798	79	RB94701	X	RB867515	28,807
40	SP77-5181	X	RB867515	61,318	80	RB855595	X	RB945961	26,599
Média									64,082

* Classificação das famílias de irmãos-germanos de cana-de-açúcar.

** Genitores femininos e masculinos utilizados nos cruzamentos biparentais de cana-de-açúcar.

*** Famílias com valores genotípicos acima da média experimental.

REFERÊNCIAS

1. 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.
2. BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 443-450, 2005.
3. BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.
4. BRESSIANI, J. A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. 159 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.
5. CESNIK, R.; MIOQUE J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, 2004. 307 p.
6. OLIVEIRA, R. A.; RESENDE, M. D. V.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; KOEHLER, H. S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the State of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 426-434, 2005.
7. RESENDE, M. D. V. **Genética, biométrica e estatística: no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975 p.
8. RESENDE, M. D. V. **O software Selegen REML/BLUP**. Colombo, Embrapa Informação Tecnológica, 2002b. 67 p. (Documentos - 77).
9. RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo, 2005. 130 p.
10. RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.

Recebido em 18/07/2007

Aceito em 19/03/2008