

UFRRJ
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

TESE

**Caracterização e avaliação do desempenho
produtivo, divergência genética e predição de ganhos
genéticos por índices de seleção em genótipos de
cana-de-açúcar**

Andréa Pereira da Fonseca

2014



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

**Caracterização e avaliação do desempenho
produtivo, divergência genética e predição de ganhos
genéticos por índices de seleção em genótipos de
cana-de-açúcar**

ANDRÉA PEREIRA DA FONSECA

Sob a Orientação do professor
Maurício Ballesteiro Pereira

e Co-orientação do professor
Valdir Diola (in memorian)

Tese submetida como requisito parcial
para obtenção do grau de **Doutor em**
Fitotecnia, no Curso de Pós-
Graduação em Fitotecnia, Área de
Concentração em Produção Vegetal.

Seropédica, RJ
Outubro de 2014

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Biblioteca Central / Seção de Processamento Técnico

Ficha catalográfica elaborada
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

F676c Fonseca, Andréa Pereira da, 1978-
Caracterização e avaliação do desempenho produtivo,
divergência genética e predição de ganhos genéticos
por índices de seleção em genótipos de cana-de-açúcar /
Andréa Pereira da Fonseca. - Seropédica, 2014.
141 f.

Orientador: Maurício Ballesteiro Pereira.
Coorientador: Valdir Diola.
Tese(Doutorado). -- Universidade Federal Rural do
Rio de Janeiro, Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia, 2014.

1. Cana-de-açúcar. 2. Produtividade. 3.
Dissimilaridade. 4. Resposta correlacionada. I.
Pereira, Maurício Ballesteiro , 1954-, orient. II.
Diola, Valdir, 1970-, coorient. III Universidade
Federal Rural do Rio de Janeiro. Programa de Pós
Graduação em Fitotecnia. IV. Título.

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

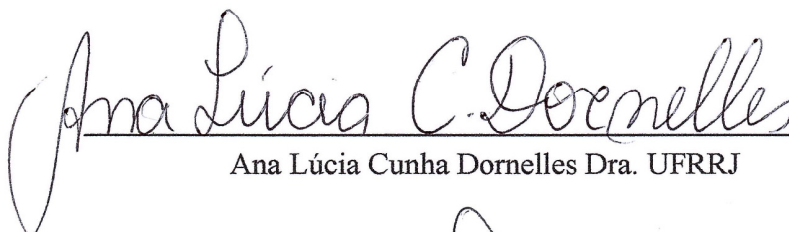
ANDRÉA PEREIRA DA FONSECA

Tese submetida como requisito parcial para obtenção do grau de **Doutor em Ciências**, no Curso de Pós-Graduação em Fitotecnia, área de Concentração em Produção Vegetal.


TESE APROVADA EM 30/10/2014



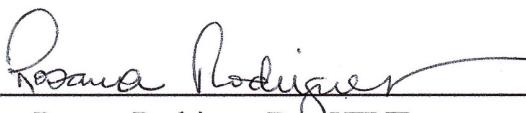
Maurício Ballesteiro Pereira Dr. UFRRJ (Orientador)



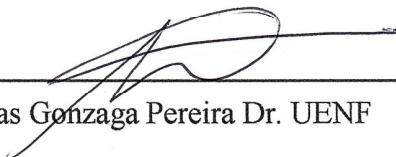
Ana Lúcia Cunha Dornelles Dra. UFRRJ



Pedro Corrêa Damasceno Junior Dr. UFRRJ



Rosana Rodrigues Dra. UENF



Messias Gonzaga Pereira Dr. UENF

*Dedico este trabalho aos meus pais José Nivaldo e
Maria pelo apoio e incentivo e ao esposo Alex e
filha Alice por todo o amor e paciência.*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por me amparar nos momentos difíceis, me concedendo luz e força interior para superar todos os obstáculos enfrentados até aqui;

À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, em especial ao Programa de Pós Graduação em Fitotecnia;

Aos professores Maurício Ballesteiro Pereira e Valdir Diola (*in memorian*) pela orientação, amizade, confiança e por todos os ensinamentos transmitidos;

À professora Dra. Ana Lúcia C. Dornelles, pela amizade, pelos inúmeros ensinamentos e pelo constante apoio e incentivo no meu desenvolvimento acadêmico;

Ao professor Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa (UFV) por ter cedido o material vegetal utilizado nos experimentos propostos neste trabalho;

Aos amigos do Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal (LGMV), com os quais sempre pude contar com a preciosa ajuda nas avaliações de campo e no laboratório. Minha eterna gratidão à Janaína, Uirá, Pietro, Natália, Érika, Mayara, Elizabeth e Glaycianne;

À minha mãe Maria, que mais uma vez me apoiou e incentivou durante o Doutorado, prestando-me suporte para que pudesse dedicar-me exclusivamente ao trabalho;

Ao meu pai José Nivaldo por ter prestado sua valiosa ajuda na colheita final;

Ao esposo Alex e filha Alice, pela paciência e compreensão durante minhas ausências;

À equipe do “Terraço” da Embrapa Agrobiologia, pela disponibilização da área, pela ajuda na colheita, pelo transporte do material e pela manutenção do experimento;

À técnica do LGMV Claudia Faria, pela companhia, apoio e pelas inúmeras conversas;

E, por fim, a todos os meus demais amigos pela amizade e compreensão nos momentos de ausência.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES – código de financiamento 001).

“Se enxerguei mais longe, foi
porque me apoiei sobre os
ombros de gigantes”

Isaac Newton

BIOGRAFIA

ANDRÉA PEREIRA DA FONSECA, filha de José Nivaldo da Fonseca e Maria de Jesus Pereira da Fonseca, nasceu em 13 de fevereiro de 1978 na Cidade do Rio de Janeiro. Graduou-se em Engenharia Agrônômica na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) no ano de 2007. Durante a graduação foi estagiária do laboratório de Anatomia Vegetal de 2003 a 2005, e posteriormente, bolsista de iniciação científica da Faperj, na área de Cultura de Tecidos Vegetais, de fevereiro a dezembro de 2006. Em março de 2008 ingressou no Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia (PPGF) na UFRRJ, como bolsista da CAPES, concluindo o curso em abril de 2010 e, em novembro do mesmo ano, ingressou no Doutorado do PPGF, como bolsista da CAPES.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Relação dos genótipos de cana-de-açúcar avaliados com caracteres biométricos e de produção.....	23
Tabela 2. Resultado da análise de variância e parâmetros genéticos estimados de comportamento fenológico de 93 genótipos de cana-de-açúcar em dois ciclos (cana planta e soca) e quatro avaliações anuais.	31
Tabela 3. Valores médios da característica Altura da planta (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	31
Tabela 4. Valores médios da interação Ciclo*Avaliação para a característica Altura da planta (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	32
Tabela 5. Valores médios da característica Diâmetro do colmo (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	32
Tabela 6. Valores médios da interação Ciclo*Avaliação para a característica Diâmetro do colmo (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	33
Tabela 7. Valores médios da característica Número de perfilhos (NP), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	34
Tabela 8. Valores médios da interação Ciclo*Avaliação para a característica Número de perfilhos (NP), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	34
Tabela 9. Resultado da análise de variância e parâmetros genéticos estimados de características morfológicas e agrônômicas de 71 genótipos de cana-de-açúcar em dois ciclos (cana planta e soca) e dois cortes anuais.	38
Tabela 10. Valores médios da interação Ciclo*Corte para a característica Massa de Colmo (MC), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.	39
Tabela 11. Valores médios da interação Ciclo*Corte para as características Massa Fresca de dois Entrenós Medianos (MFE) e Massa Seca de dois Entrenós Medianos (MSE), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	39
Tabela 12. Valores médios da interação Ciclo*Corte para as características Massa Fresca de dois Nós Medianos (MFN) e Massa Seca de dois Nós Medianos (MSN), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.....	40
Tabela 13. Valores médios da interação Ciclo*Corte para a característica Brix Médio (BM), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71	

genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.	40
Tabela 14. Resultado da análise de variância e parâmetros genéticos estimados de características de interesse industrial de 71 genótipos de cana-de-açúcar em dois ciclos (cana planta e soca) e dois cortes anuais.....	44
Tabela 15. Valores médios das relações entre Colmo/Palmito e Entrenó/Nó, estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.	45
Tabela 16. Relação dos 97 genótipos de cana-de-açúcar avaliados com descritores morfológicos, caracteres biométricos e marcadores moleculares (<i>ESTs-SSRs</i>).....	53
Tabela 17. Estimativa das variâncias (autovalor λ_i) associadas aos componentes principais, variância acumulada (%) e autovetores referentes a seis descritores morfológicos quantitativos avaliados em 97 genótipos de cana-de-açúcar.	59
Tabela 18. Contribuição relativa de nove caracteres biométricos para a divergência genética em 71 genótipos de cana-de-açúcar e parâmetros genéticos.	64
Tabela 19. Genótipos de cana-de-açúcar que permaneceram no mesmo grupo nos agrupamentos com base nos Descritores Morfológicos Qualitativos (DMQL) e Quantitativos (DMQT), Caracteres Biométricos (CB) e Marcadores Moleculares <i>EST-SSR</i> (MM).....	71
Tabela 20. Relação dos 69 genótipos de cana-de-açúcar avaliados pelo método dos índices de seleção.....	78
Tabela 21. Coeficientes dos índices de seleção (<i>b</i>), para o caráter SSTH, obtidos de 69 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em duas épocas de corte (maio e novembro) e nos dois ciclos da cultura (cana planta e cana soca).....	81
Tabela 22. Resumo da análise de variância e parâmetros genéticos estimados a partir dos índices de seleção e do caráter tecnológico de produção SSTH, obtidos a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 69 genótipos de cana-de-açúcar, em duas épocas de corte (maio e novembro) e nos dois ciclos da cultura (cana planta e cana soca).	82
Tabela 23. Parâmetros genéticos e estimativas da razão entre ganho indireto (Índice de Seleção) e o ganho direto (SSTH) em diferentes avaliações de 69 genótipos de cana-de-açúcar.	83

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Fluxograma do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar das Universidades que são associadas à RIDESA. Fonte: Barbosa e Silveira (2012). 8**
- Figura 2. Valores de temperatura máxima e mínima e quantidade de chuva acumulada do município de Seropédica registrados nos anos de 2011 a 2013. Fonte: SADMET/INMET..... 24**
- Figura 3. Gráfico 3D dos escores em relação aos três primeiros Componentes Principais de seis Descritores Morfológicos Quantitativos: Tipo de Despalha (TD), Intensidade de Perfilamento (IP), Diâmetro do Entrenó (DE), Largura da Zona radicular (LZR), Volume da Copa Foliar (VCF) e Tamanho da Aurícula (TAMA) de 97 genótipos de cana-de-açúcar. 60**
- Figura 4. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base nos descritores morfológicos quantitativos, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), com base na distância euclidiana, para 97 genótipos de cana-de-açúcar..... 62**
- Figura 5. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base em caracteres biométricos, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), com base na distância de Mahalanobis (D^2), para 71 genótipos de cana-de-açúcar..... 65**
- Figura 6. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base em Descritores Morfológicos Qualitativos, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA) para 97 genótipos de cana-de-açúcar. 67**
- Figura 7. Dendrograma para o padrão de dissimilaridade genética estabelecida pelo método UPGMA, com base nos coeficientes de Jaccard, em cluster hierarquizado para 96 genótipos de cana-de-açúcar. Fonte: Fernandes et al. (2012)..... 68**

RESUMO GERAL

FONSECA, Andréa Pereira. **Caracterização e avaliação do desempenho produtivo, divergência genética e predição de ganhos genéticos por índices de seleção em genótipos de cana-de-açúcar.** Seropédica: UFRRJ, 2014. 141 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia). Instituto de Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2014.

Visando avaliar o desempenho produtivo, estimar a divergência genética e estabelecer uma estratégia de seleção por meio de índices, 100 genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) foram avaliados em um experimento em blocos casualizados com três repetições. O experimento foi conduzido na estação experimental da Embrapa-Agrobiologia no município de Seropédica, RJ, em duas épocas de corte (realizados em maio e em novembro), nos ciclos de cana planta e cana soca (anos 2010 a 2013). Para a comparação dos genótipos com base no desempenho produtivo, os dados referentes aos caracteres biométricos e de produção foram submetidos à análise de variância e a comparação das médias foi realizada pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade. Para os descritores morfológicos quantitativos foi realizada análise de Componentes Principais para determinar a importância das variáveis na variação conjunta dos genótipos. A dissimilaridade dos caracteres biométricos foi estimada a partir da distância generalizada de Mahalanobis e distância euclidiana. Com base nas distâncias, realizaram-se análise de agrupamento pelo método UPGMA. Na avaliação da divergência genética por meio de marcadores moleculares, utilizou-se o coeficiente de Jaccard e agrupamento UPGMA. Para a seleção simultânea de caracteres, foram construídos índices com base nas características, Massa de colmo, Comprimento de colmo, Número de perfilhos por parcela e Brix médio, considerando cada avaliação feita nos dois cortes e nos dois ciclos (cana planta e cana soca). A estimativa do ganho com a seleção indireta foi calculada a partir da razão entre a resposta correlacionada com base no índice (seleção indireta) e a resposta direta com base na característica sólidos solúveis totais em toneladas por hectare (SSTH). Foi observada diferença significativa entre os genótipos para todas as características avaliadas e, ampla variação nas características ligadas à produtividade, com média de 95,42 ton.ha⁻¹ para a característica Toneladas de colmos por hectare, demonstrando grande potencial para a seleção visando a exploração canavieira na região de Seropédica. Os resultados mostraram que para os genótipos estudados, a maioria das variáveis apresentou herdabilidade média a alta, indicando potencial para a seleção com base principalmente nos caracteres Número de perfilhos e °Brix Médio. Concluiu-se que os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos foram os Descritores Morfológicos Qualitativos e os Caracteres Biométricos. Os métodos multivariados permitiram identificar genótipos contrastantes e mais produtivos para sua utilização em programas de melhoramento da cana-de-açúcar, levando em consideração que a dissimilaridade está relacionada à variabilidade existente entre os caracteres empregados no presente estudo. Os índices baseados na seleção indireta apresentaram respostas correlacionadas variáveis para o caráter SSTH, sendo possível identificar os genótipos SP85-3877, RB855046, RB975138, RB935744, SP88-819, RB865230 e RB037188, como os mais promissores a serem utilizados em cruzamentos futuros nos programas de melhoramento e, demonstrou que, em apenas um ciclo de cultivo, é possível obter ganho na resposta correlacionada com a característica SSTH, possibilitando uma economia de tempo e maior facilidade na seleção para esta característica.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., Produtividade, Dissimilaridade, Resposta correlacionada.

ABSTRACT

FONSECA, Andréa Pereira. Characterization and evaluation of yield, **genetic divergence and prediction of genetic gains by selection index in sugarcane genotypes**. Seropédica: UFRRJ, 2014. 141 p. Thesis (Doctor in Fitotecnia). Instituto de Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2014.

In order to evaluate yield, to estimate genetic divergence and to establish a selection index strategy, 100 genotypes of sugarcane (*Saccharum* spp.) were assessed in a randomized block design with three replicates. The experiment was carried out at Embrapa-Agrobiology experimental station in Seropédica city, RJ, Brazil. Plants were harvested two times (May and November), in the cycles of cane plant and ratoon (years 2010 to 2013). To compare genotypes, data of biometric characters and yield were submitted to analysis of variance and means was compared using Scott-Knott procedure, at 5% probability level. For quantitative morphological descriptors, Principal Component Analysis was performed to determine the importance of variables in joint variation of genotypes. Dissimilarity of biometric characters was estimated by Euclidian distance and Mahalanobis generalized distance. Based on the distances, grouping analysis was performed using the UPGMA method. To evaluate genetic divergence using molecular markers, Jaccard coefficient and UPGMA grouping were used. For simultaneous selection of characters, indexes based on traits: stem mass, stem length, number of tillers per plot and average Brix were constructed, considering evaluations made in two cuts and two cycles (cane plant and ratoon). Indirect gain estimation was calculated from the ratio between the index-based response (indirect selection) and the direct response based on the total soluble solids in tons per hectare (SSTH). Genotypes shows significant difference for all characteristics evaluated and wide variation in characteristics related to productivity. Shoot mass averaged 95.42 ton.ha⁻¹, demonstrate the great potential for selection aiming sugarcane exploitation in the region of Seropédica. Results showed that, for these genotypes, most variables presented medium to high heritability, indicating potential for selection based mainly on number of tillers and °Brix. We concluded that Qualitative Morphological Descriptors and Biometric Characteristics most contributed to genetic divergence among genotypes. Multivariate methods allowed identify contrasting and more productive genotypes for use in sugarcane breeding; taking into account dissimilarity is related to variability among characters used in present study. Indirect selection (index-based) showed variable correlated responses for SSTH character, being possible to identify genotypes SP85-3877, RB855046, RB975138, RB935744, SP88-819, RB865230 and RB037188 as the most promising to be used in future crosses and showed that, in only one crop cycle, it is possible to obtain a gain in correlated response with SSTH characteristic, making it possible to save time and greater ease in the selection for this characteristic.

Key words: *Saccharum* spp., Yield, Dissimilarity, Correlated response

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	x
LISTA DE FIGURAS	xi
RESUMO GERAL	xii
ABSTRACT	xiii
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
REVISÃO DE LITERATURA	3
1 Aspectos Gerais da Cultura da Cana-de-açúcar	3
1.1 Classificação Botânica e Centro de Origem.....	3
1.2 Origem das Cultivares Modernas.....	4
2 Princípios Básicos do Melhoramento da cana-de-açúcar	5
2.1 Melhoramento Convencional	6
2.1.1 Principais Programas de Melhoramento da cana-de-açúcar no Brasil.....	6
2.1.2 Estágios do Programa de Melhoramento da cana-de-açúcar.....	7
3 Divergência genética	9
3.1 Análises de Componentes principais	11
3.2 Análises de agrupamento.....	12
3.2.1 Algumas medidas de distância	12
4 Seleção simultânea de caracteres (Índice de Seleção)	15
CAPÍTULO I.....	17
CARACTERIZAÇÃO E DESEMPENHO PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE- AÇÚCAR BASEADO EM CARACTERÍSTICAS BIOMÉTRICAS E AGROINDUSTRIAIS..	17
RESUMO	18
ABSTRACT	19
1 INTRODUÇÃO	20
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	22
2.1 Material Vegetal	22
2.2 Dados Climáticos	24
2.3 Coleta de Dados	25
2.3.1 Comportamento Fenológico	25
2.3.2 Caracteres morfológicos e agroindustriais.....	25
2.4 Análise estatística	28
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
3.1 Comportamento Fenológico	29
3.2 Caracteres morfológicos e agroindustriais.....	35
3.2.1 Caracteres biométricos e tecnológicos de produção.....	35
3.2.2 Caracteres de interesse industrial.....	41

CONCLUSÕES	46
CAPÍTULO II	47
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR COM BASE EM CARACTERES BIOMÉTRICOS, DESCRITORES MORFOLÓGICOS E MARCADORES MOLECULARES	47
RESUMO	48
ABSTRACT	49
1 INTRODUÇÃO	50
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	52
2.1 Material vegetal.....	52
2.2 Coleta de Dados	53
2.2.1 Descritores Morfológicos	53
2.2.2 Caracteres biométricos	54
2.2.3 Marcadores Moleculares	56
2.3 Análise estatística	56
2.3.1 Divergência Genética com uso de caracteres morfológicos	56
2.3.1.2 Componentes Principais	56
2.3.1.3 Medidas de Dissimilaridade	56
2.3.2 Método de Agrupamento	57
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	58
3.1 Análise de Componentes Principais.....	58
3.2 Dissimilaridade genética	60
3.2.1 Descritores Morfológicos Quantitativos.....	60
3.2.2 Caracteres Biométricos.....	63
3.2.3 Descritores Morfológicos Qualitativos	66
3.2.4 Marcadores Moleculares (<i>EST-SSR</i>)	68
CONCLUSÕES	72
CAPÍTULO III.....	73
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA EM ÍNDICES.....	73
RESUMO	74
ABSTRACT	75
1 INTRODUÇÃO	76
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	77
2.1 Localização, condução do experimento e material vegetal.....	77
2.2 Coleta de dados.....	78
2.3 Análise estatística	79
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	81
CONCLUSÕES	85

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	86
ANEXOS	99

INTRODUÇÃO GERAL

A cana-de-açúcar é uma espécie vegetal amplamente cultivada em regiões de clima tropical e subtropical que representa grande importância para a agricultura brasileira e mundial. Além da importante fonte de geração de empregos e renda no campo, no âmbito econômico, provê diferentes possibilidades de utilização, entre as quais se destacam a extração do açúcar e a produção do etanol. Possibilita ainda a obtenção de subprodutos derivados e resíduos após o processo de moagem, como o bagaço, que pode ser empregado como fonte energia na própria usina, além da vinhaça, do melaço, entre outros.

No cenário sucroalcooleiro mundial, o Brasil destaca-se como o maior produtor de cana-de-açúcar, tendo sido moído na safra 2012/2013, cerca de 580 milhões de toneladas de colmos (CONAB, 2013). Com relação à produção de açúcar, o país é responsável por 25% da produção e 50% das exportações, conferindo-lhe o 1º lugar na classificação mundial. Em termos de produção de etanol, ocupa o 2º lugar, contribuindo com 20% da produção mundial e 20% das exportações mundiais (UNICA, 2013).

A cana-de-açúcar utiliza o metabolismo C_4 para fixação do CO_2 e, dessa forma, é uma das espécies de maior eficiência fotossintética, com grande capacidade de converter energia luminosa em energia química. Possui grande habilidade de produzir biomassa, além de armazenar grandes quantidades de carboidratos solúveis, sendo a sacarose, o carboidrato que ocupa a maior parte do volume do colmo, podendo chegar ao valor máximo teórico de cerca de 60% do peso seco ou 20% do peso fresco quando cultivada em condições ideais (BULL e GLASZIOU, 1963). No entanto, a expressão fenotípica destes caracteres é extremamente influenciada pelo ambiente e pela constituição genética (LAM et al., 2009).

A avaliação do desempenho produtivo dos genótipos em determinados ambientes de cultivo pode auxiliar um manejo mais adequado das variedades para este ambiente em questão, visto que fatores edafoclimáticos, muitas vezes, estão correlacionados aos parâmetros da produtividade. A seleção de cultivares mais adequadas e a utilização das práticas culturais específicas ao ambiente de cultivo possibilitam aumentos consideráveis em termos de produtividade.

As variedades cultivadas (*Saccharum* spp.) apresentam elevada complexidade genética, pois são derivadas de eventos de auto e alopoliploidia (CASU et al., 2005). O número básico de cromossomos é distinto entre cultivares, com um genoma octaplóide derivado de *Saccharum officinarum* combinado com o genoma derivado de *S. spontaneum* (D'HONT et al., 2008). A complexidade do genoma das cultivares modernas derivado de hibridação interespecífica, somado à estreita base genética dos progenitores, limita significativamente o avanço do melhoramento clássico (UKOSKIT et al., 2012), pois o sucesso de um programa de melhoramento irá depender da quantidade de variabilidade genética existente na população base a ser explorada, além da herdabilidade do caráter que está sendo melhorado e da extensão do ganho genético possível para este caráter (BRESSIANI, 2001). Antes de iniciar qualquer programa de seleção o melhorista precisa obter informação sobre a natureza e a magnitude da variabilidade presente no material genético o que é de primordial importância para a eficácia do programa (CHAUDHARY, 2001). A variabilidade genética disponível nas cultivares modernas provém de cruzamentos sexuais previamente planejados, onde são escolhidos os genitores contrastantes que possuam um grupo de genes relacionados a características de interesse e bons rendimentos, de maneira que a população obtida traga bom desempenho e possua os caracteres de interesse já fixados (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

A divergência genética pode ser quantificada através de análises dialélicas, onde são quantificadas a capacidade específica, além da heterose manifestada nos híbridos, ou por

processos preditivos, que se baseiam em diferenças morfológicas e fisiológicas dos genitores, dispensando a obtenção prévia das combinações híbridas, além do emprego de marcadores moleculares. A estatística multivariada vem sendo muito utilizada pelos melhoristas no estudo da divergência genética, pois integra as múltiplas informações obtidas a partir de um conjunto de caracteres extraídos de unidades experimentais, o que permite maior oportunidade de escolha de genitores contrastantes, aumentando a chance de êxito de um programa de melhoramento. Existem vários métodos multivariados os quais são escolhidos de acordo com a forma em que foram obtidos os dados, com a precisão desejada pelo pesquisador e pela facilidade de análise, dentre eles, citam-se a análise por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (CRUZ e REGAZZI, 1997; MARDIA et al., 1979).

Além da divergência genética, outra vertente dos programas de melhoramento é a obtenção de variedades que aliem alto rendimento a outros caracteres de importância agrônômica. Dessa forma, os índices de seleção têm sido amplamente empregados, sendo possível predizer ganhos para várias características de interesse. Este método baseia-se na combinação das características escolhidas pelo melhorista, permitindo gerar um caráter adicional, sobre o qual é exercida a seleção.

Os objetivos gerais deste trabalho foram: caracterizar e avaliar o desempenho produtivo, estimar a divergência genética e avaliar a eficiência do uso de índices de seleção para obter ganhos na seleção de genótipos de cana-de-açúcar, com base em dois cortes anuais, um no ciclo de cana planta e o outro na primeira soca, para a região de Seropédica, RJ.

REVISÃO DE LITERATURA

1 Aspectos Gerais da Cultura da Cana-de-açúcar

1.1 Classificação Botânica e Centro de Origem

A cana-de-açúcar é uma planta alógama herbácea que pertence à família *Poaceae* (*Gramineae*), ordem Ciperales, gênero *Saccharum*. Segundo Daniels e Roach (1987), a classificação botânica mais aceita sugere que o gênero *Saccharum* inclui seis grupos taxonômicos frequentemente fornecendo seu status de espécie: *S. spontaneum* (2n=40 a 128), *S. robustum* (2n= 60, 80 e mais de 200), *S. officinarum* (2n= 80), *S. barberi* (2n=81 a 124), *S. sinense* (2n=116 a 120) e *S. edule* (2n = 60 a 122).

Originária provavelmente da Oceania e Ásia, a cana-de-açúcar é muito cultivada em países tropicais e subtropicais principalmente para obtenção do açúcar, do álcool e da aguardente, devido à sacarose contida em seu colmo. Existem registros de que a cana-de-açúcar deve ter sido domesticada pelos nativos da região da Indonésia e Nova Guiné, através da propagação vegetativa desse vegetal em seus centros de origem, destinada tanto para apreciar seu caldo açucarado como também, à ornamentação, para a construção de cercados. Os nativos asiáticos propagavam as formas de *Saccharum* que apresentassem cores mais atraentes associadas ao baixo teor de fibra e caldo mais açucarado (LANDELL et al., 2005). Estes povos provavelmente disseminaram a cultura para outras regiões com a migração para as ilhas do Pacífico sul, a Índia, a China e vizinhanças, entre 1500 a.C. e 1000 a.C. (BRANDES, 1956; DANIELS e ROACH, 1987).

No Brasil, os primeiros registros da chegada da cana-de-açúcar, trazida pelos portugueses da Ilha da Madeira, datam de 1502. Mas, oficialmente, quem trouxe primeiro uma muda da planta foi Martin Affonso de Souza, em 1532, iniciando o cultivo na capitania de São Vicente, lugar que abrigou o primeiro engenho de açúcar. Mas, foi nas capitanias de Pernambuco e da Bahia que os engenhos se multiplicaram (CESNIK e MIOCQUE, 2004).

1.2 Origem das Cultivares Modernas

Vários especialistas formularam a hipótese de que as atuais cultivares modernas evoluíram a partir de cruzamentos entre espécies dos gêneros *Sclerostachya*, *Narenga*, *Erianthus* e *Miscanthus*. Entretanto, estudos recentes com informações a nível molecular, izoenzimas e citogenética, mostram que espécies atuais do gênero *Saccharum*, *Erianthus* e *Miscanthus* são claramente distintas, reduzindo a possibilidade de uma provável contribuição destes dois últimos para a origem das espécies de cana (GLASZMANN et al., 1989; LU et al., 1994; D'HONT et al., 1993, 1995; BESSE et al., 1997; SELVI et al., 2004; HODKINSON et al., 2002).

Devido a surtos de doenças houve a necessidade de se obter variedades mais resistentes (principalmente a uma doença conhecida como Sereh, na região da Índia e de Java), assim, cresceu a prática dos cruzamentos interespecíficos, surgindo as primeiras cultivares modernas (HOARAU, et al., 2001). Os primeiros programas de melhoramento foram realizados com o intuito de se obter cultivares mais resistentes a doenças e mais produtivas, sendo desenvolvidos então os híbridos. Através do processo denominado “nobilização”, uma série de cruzamentos interespecíficos, entre as espécies *S. officinarum* (“cana nobre”) e *S. spontaneum* ao longo de séculos de melhoramento resultou no surgimento das cultivares atuais classificadas como *Saccharum* spp., que são híbridos altamente poliplóides e aneuplóides, com número de cromossomos variando de 80 a 130 (BORÉM et al., 2012). Nestes cruzamentos, buscava-se o potencial de produção de açúcar das canas nobres (*S. officinarum*) e a robustez, vigor e resistência a doenças de *S. spontaneum*. Neste processo, ocorreu a transmissão assimétrica de cromossomos, de modo que na geração F1 e na primeira geração de retrocruzamento (RC1), os indivíduos da progênie receberam o número somático de cromossomos do parental feminino *S. officinarum* ($2n=80$, $x=10$) somado ao número gamético do parental masculino *S. spontaneum* ($2n=40-128$, $x=8$) (BUTTERFIELD et al., 2001). De acordo com D'Hont et al. (1996) este fenômeno pode ter ocorrido devido a endoduplicação ou a fusão dos dois núcleos durante a meiose, facilitando o desenvolvimento das variedades modernas com a qualidade de *S. officinarum* recuperada mais rapidamente nestes híbridos, o que significa que um menor número de retrocruzamentos é necessário para produzir variedades com alta produção de açúcar. Portanto, segundo estes mesmos autores, a contribuição genética de *S. spontaneum* é reduzida nos híbridos comerciais. Hibridização Genômica In Situ (GISH) revelou que dos cromossomos nestes híbridos, aproximadamente 80% são derivados de *S. officinarum* e 10% de *S. spontaneum*, com os remanescentes sendo recombinações dos cromossomos das duas espécies ancestrais.

A história do melhoramento de cana-de-açúcar pode ser dividida em cinco períodos baseados no uso do melhor material melhorado e o tipo de progênie obtida (MING et al., 2006). Num primeiro momento, foi realizado o melhoramento da cana nobre para produzir cultivares nobres, seguida da prática do melhoramento através da nobilização para produzir cultivares “nobilizadas”. Posteriormente, foi feito o melhoramento de canas “nobilizadas” para se obter cultivares híbridas e, o melhoramento destas para produzir as cultivares atuais. Atualmente, uma preocupação dos melhoristas é a ampliação da base genética. As cultivares modernas são essencialmente derivadas de não mais do que 15 a 20 genótipos de cultivares “nobilizadas” que podem ser rastreadas até a base genética “nobilizada” inicial desenvolvida em Java e na Índia (ROACH, 1989).

2 Princípios Básicos do Melhoramento da cana-de-açúcar

Um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é prover novas cultivares que aumentem os lucros (ou reduzam as perdas) para os produtores, ou seja, apresentem maior produtividade do que as cultivares que já estão sendo plantadas pelo agricultor, por um “longo” intervalo de tempo (BRESSIANI, 2001). Além disso, também é foco dos melhoristas a questão da adaptação das cultivares em novas áreas, pois isso possibilita a expansão da cultura em novos ambientes de produção. Outro aspecto importante é a obtenção de cultivares resistentes a pragas e doenças.

Apesar de existirem grandes diferenças nos detalhes sobre como os programas de melhoramento do Brasil (e do mundo) conduzem suas atividades, estes em geral são baseados na seleção e clonagem de genótipos superiores de populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos entre indivíduos diferentes. O melhoramento genético da cana-de-açúcar tem início com a escolha dos parentais e obtenção de sementes pela hibridação, mediante a qual se procura ampliar a variabilidade genética. A progênie obtida passa por sucessivas seleções, tendo em vista isolar os fenótipos desejados que, levados à experimentação em ensaios regionais, possibilita a indicação de novas variedades comerciais.

Segundo Borém (1997), os critérios de escolha dos progenitores, bem como a metodologia de condução das populações segregantes, variam entre os diversos programas. A escolha das cultivares a serem cruzadas deve ser criteriosa, pois é de grande importância para que não haja comprometimento no êxito do programa de melhoramento. Para isso, tem sido dada considerável ênfase à divergência genética entre os progenitores, de maneira que se possa obter máximo efeito heterótico na população híbrida e maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes (MIRANDA et al., 1988). Devem ser escolhidos materiais que já apresentem características de interesse, de modo que as populações obtidas tenham um bom desempenho e já tenham estes caracteres fixados (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

Na fase de seleção dos genitores, o conhecimento da magnitude do coeficiente de herdabilidade possibilita uma maior eficiência nos trabalhos de melhoramento, uma vez que este auxilia na definição das estratégias de seleção e prediz o ganho do caráter em estudo (FEHR, 1987). Nesta fase, segundo Matsuoka, Garcia e Arizono (2005), a herdabilidade no sentido amplo das características em seleção deve ser considerada. Estimativas desse parâmetro foram abordadas em diversos estudos, embora existam contradições. Outro aspecto a ser considerado é o conhecimento da variabilidade genética, o tipo de herança envolvida nos caracteres, bem como a utilização de métodos adequados de avaliação em plantas jovens, por permitirem uma redução nos ciclos de seleção (PAIVA, 1980).

Na fase inicial de seleção podem ser utilizadas diversas estratégias descritas a seguir:

- O plantio em “bunch” consiste no plantio em molhos formados por 5 a 10 plântulas. Neste método, espera-se que as plantas inferiores sejam influenciadas pela competição e, dessa forma, eliminadas pela seleção natural (URATA, 1970). Embora existam exemplos de sucesso obtido com seu emprego, não há dados conclusivos a respeito de sua superioridade e da ação efetiva da seleção natural sobre os genótipos individuais (SKINNER et al. 1987);
- Na seleção de famílias é considerado o fato de que para os caracteres importantes, a herdabilidade entre famílias é superior à herdabilidade entre plantas individuais. Em função disso, vários programas de melhoramento preferem então selecionar entre as famílias, escolhendo as que possuem médias fenotípicas superiores. Entretanto, segundo Matsuoka, Garcia e Arizono (2005), ao selecionar famílias sem considerar a variância genética de cada cruzamento, existe o risco de descartar indivíduos superiores em populações com médias inferiores, mas com ampla variabilidade e assimetria favorável na distribuição normal;
- Seleção de plantas individuais: Neste tipo de seleção, deve ser usado como critério apenas os

caracteres de alta herdabilidade, tais como °Brix e resistência a doenças. Latter (1964) menciona que em alguns casos tal estratégia de seleção pode levar a melhores resultados que a seleção entre famílias, e também reduzindo o risco de descartar indivíduos superiores em famílias com baixa média fenotípica. Em geral, a possibilidade de serem descartadas em análise visual as plantas com baixo vigor, torna o processo mais exequível, já que são evitadas leituras de Brix, por exemplo (SKINNER et al., 1987).

Os programas atuais de melhoramento de cana baseiam-se essencialmente em esquemas de seleção recorrente. Em geral, a partir dos clones superiores gerados no final do procedimento básico (cruzamento seguido por seleção clonal) são realizados cruzamentos destes clones entre si (recombinação) para a geração de famílias híbridas de um novo ciclo. Considerando que a maioria das características de importância agrônômica é controlada por vários genes, através deste processo, pode haver um aumento gradual na frequência de alelos favoráveis através de sucessivos ciclos de seleção e recombinação dos melhores indivíduos das melhores progênies. Entretanto, a chance de um clone vir a possuir todos os alelos favoráveis é muito baixa, sendo, portanto, importante a recorrência (BARBOSA e SILVEIRA, 2012). Ainda sobre as características de maior importância comercial, pouco se sabe sobre o controle genético desses caracteres quantitativos, e dessa forma, a identificação dos genótipos promissores baseia-se na seleção para caracteres secundários, correlacionados com o caráter principal (BRESSIANI, 1993). No entanto, de acordo com Lopes (2011), uma desvantagem desta estratégia é que as correlações obtidas dependem em certo grau das condições ambientais de avaliação, o que prejudica bastante na identificação dos genótipos superiores.

Desde o advento de hibridações manipuladas, o perfil varietal se distinguiu, oferecendo à indústria uma nova concepção de matéria-prima. Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar conduzidos em dezenas de países têm sido responsáveis por essa mudança essencial, usando para tanto de estratégias de hibridação e seleção diferenciadas (LANDELL et al., 2005).

Dentre os métodos de hibridação da cana-de-açúcar, destacam-se o policruzamento, que consiste em reunir grande número de genitores para que se inter cruzem, e o cruzamento simples (biparentais) em que os genitores masculinos e femininos são conhecidos, sendo este último preferivelmente, o mais utilizado pelos melhoristas (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005). Na cana-de-açúcar, o genótipo de cada planta pode ser transmitido integralmente através das gerações e multiplicados via clonagem através dos colmos (BRESSIANI, 2001). Segundo Landell et al. (2005), a nova variedade de cana estará disponível na população na primeira fase de seleção (geração F1), ou seja, teoricamente, se houvessem instrumentos de discernimento eficazes, a variedade seria obtida logo após o processo de hibridação. No entanto, isso é normalmente atingido após 10 anos de avaliações contínuas.

2.1 Melhoramento Convencional

2.1.1 Principais Programas de Melhoramento da cana-de-açúcar no Brasil

No Brasil, o melhoramento genético é realizado por instituições públicas e privadas com grande interação com o setor produtivo. Diversos programas de pesquisa nesta área estão sendo desenvolvidos, atualmente. No início da década de 30 foi criado o Instituto do Açúcar e do Alcool (IAA) com o objetivo principal de regular o mercado de açúcar no país e promover a produção de etanol anidro. As questões tecnológicas do setor do etanol foram resolvidas após a criação do Planalsucar (Programa Nacional de melhoramento de Cana-de-Açúcar) ligado ao IAA, sendo este programa responsável pelo desenvolvimento das cultivares RB

(República do Brasil). Após a extinção do programa de melhoramento de cana pelo governo federal em 1990, funcionários e infraestrutura dos departamentos e estações de pesquisa deste programa foram absorvidos inicialmente por sete universidades federais (UFPR, UFSCar, UFV, UFRRJ, UFS, UFAL e UFRPE). Estes então estabeleceram a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), sendo associadas mais tarde a UFG e a UFMT (BARBOSA e SILVEIRA, 2012). Para se ter uma idéia da importância deste programa, atualmente as cultivares RB ocupam aproximadamente 58% da área cultivada com cana no Brasil (RIDESA; 2010).

O programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar do Instituto Agronômico de Campinas (IAC) é desenvolvido na Estação Experimental de Ribeirão Preto, São Paulo, desde 1950, e dispõe de aproximadamente 240 hectares de terras para realizar pesquisas e experimentos. É responsável pelo lançamento das variedades IAC, que são adaptadas a diferentes regiões do País.

Fundada em 1969 pelo tradicional centro de pesquisa Copersucar, o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), foi responsável por uma série de desenvolvimentos no setor tecnológico. O CTC foi criado para realizar pesquisas e desenvolver novas tecnologias para aplicação nas atividades agrícolas, logísticas e industriais dos setores canavieiro e sucroalcooleiro e, também, para criar novas variedades de cana-de-açúcar.

Uma questão bastante relevante em relação ao melhoramento genético da cana é a avaliação de novas variedades e a adaptação a diferentes ambientes (LANDELL et al., 1999; RAIZER e VENCOVSKY, 1999; SILVEIRA, 2011; SOUZA et al., 2012; VERÍSSIMO, et al., 2012). Isso é importante para a recomendação das melhores variedades para as regiões mais aptas.

Como a cana-de-açúcar é originária de baixas latitudes, regiões tropicais, próximas ao Equador, a probabilidade de ocorrer cruzamento em condições naturais, é dependente do seu florescimento, que necessita de condições ambientais propícias, como fotoperíodo (11,5 a 12 horas de luz) e temperaturas diurnas e noturnas específicas (SEGATO e PEREIRA, 2006). Essas condições ideais são encontradas apenas em latitudes entre 5° e 15°, razão pela qual, os principais programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar do Brasil possuem estações de cruzamento no Nordeste. A ocorrência do florescimento e a época são importantes fatores a serem considerados no programa de melhoramento. Para realizar a hibridação, é necessário que seja avaliado o potencial do genótipo se este irá fornecer pólen viável ou se receberá pólen. No processo de cruzamento biparental, é importante evitar que ocorra a autopolinização. Neste caso, realiza-se prática de emasculação no clone fêmea que apresenta pólen viável (BARBOSA e SILVEIRA, 2012).

A Rede RIDESA possui a Estação de Pesquisa Serra do Ouro no município de Murici, AL, onde são realizados os cruzamentos. A unidade está na latitude 9° 13' S, a 450-500 metros de altitude, onde a pluviosidade média é de pelo menos 2.000 milímetros anuais e as temperaturas médias, de 19,5 a 26,5° C. Essas condições tornam o local muito propício para o florescimento da maioria das variedades de cana-de-açúcar, bem como, para a boa fertilidade do pólen (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

2.1.2 Estágios do Programa de Melhoramento da cana-de-açúcar

Segundo Barbosa e Silveira (2012) para a obtenção de uma nova cultivar no programa de melhoramento da RIDESA, várias etapas devem ser seguidas, conforme descritas a seguir.

Após a obtenção das sementes obtidas a partir de cruzamentos pré-estabelecidos, estas são enviadas para os respectivos Estados onde serão produzidas as plântulas, que em seguida, serão transplantadas para o campo, definindo a primeira fase, denominada (T1). Os clones são avaliados em estações experimentais, em experimentos compostos por parcelas com sulcos de

5 a 8 metros de comprimento, utilizando o delineamento em blocos aumentados. Na Fase T2, os clones que se destacam dentre as plantas nos ciclos de cana planta e soca, são selecionados e posteriormente avaliados na fase T3.

Além da avaliação dos clones em experimentos, é necessário observar a reação destes quanto a pragas e doenças, bem como sua produtividade em diferentes locais. Por isso, o programa para desenvolver uma nova cultivar é naturalmente, de longa duração. A Figura 1 mostra um esquema das fases do programa de melhoramento realizado pela RIDESA.

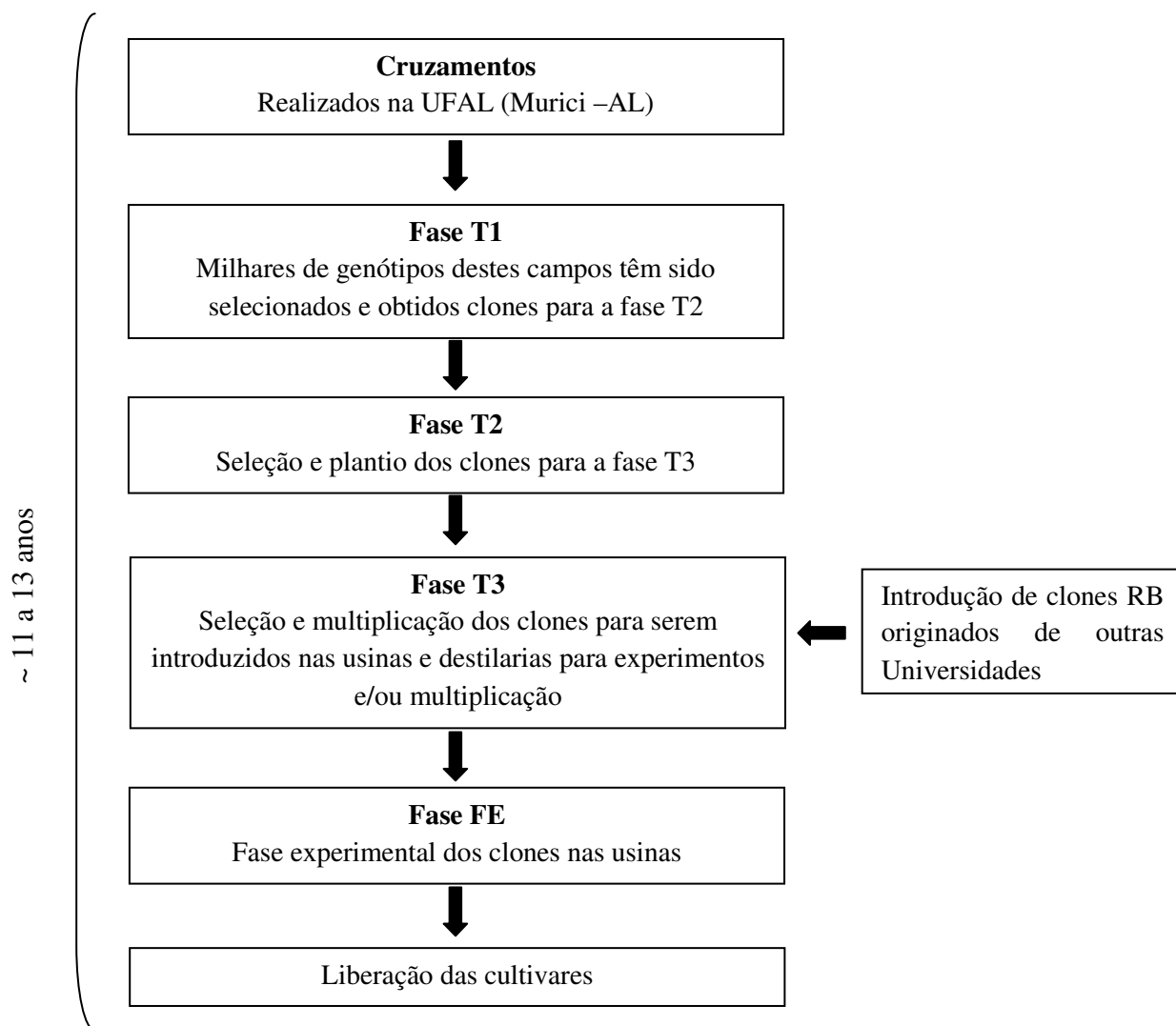


Figura 1. Fluxograma do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar das Universidades que são associadas à RIDESA. Fonte: Barbosa e Silveira (2012).

3 Divergência genética

Nos programas de melhoramento uma das tarefas é a conservação do germoplasma, que é como um depósito de variabilidade genética. Este germoplasma é mantido em locais chamados Bancos de Germoplasma. Nestes bancos, os acessos estão à disposição do melhorista, servindo como um reservatório de genes os quais podem ser acessados quando necessário e serem usados de forma direta, como variedades comerciais, ou empregados nos programas de melhoramento, visando à criação de novas cultivares. Para isso, é necessária a caracterização e a avaliação desses materiais, permitindo o melhor aproveitamento da variabilidade genética existente e, utilizá-la de acordo com a sua finalidade (ARRIEL et al., 2000). De acordo com Moreira et al. (1994), caracteres morfológicos de natureza qualitativa ou quantitativa são utilizados em estudos sobre a diversidade genética nas coleções de germoplasma e, estas informações quanto à diversidade e à divergência genética dentro de uma espécie são essenciais para que haja o uso racional desses recursos genéticos (LOARCE et al., 1996).

Com o advento das técnicas de biologia molecular, os marcadores moleculares possibilitaram grandes avanços no mapeamento de genes e de regiões genômicas que controlam características de importância econômica, na caracterização molecular de genótipos e no estudo da divergência genética (GUIMARÃES et al., 2009). Segundo estes autores, na etapa do melhoramento em que é feita a escolha dos genitores e o planejamento dos cruzamentos, os marcadores moleculares podem auxiliar fornecendo informações genéticas adicionais e mais detalhadas dos genótipos, aumentando a probabilidade de obtenção de indivíduos superiores. Os indivíduos são genotipados para certo número de marcadores que permitem a amostragem extensiva de seus genomas de interesse, ao nível do DNA, sem a influência do ambiente (FERREIRA e GRATAPAGLIA, 1998). Além disso, os marcadores moleculares apresentam como principal vantagem, a possibilidade de se reduzir o tempo necessário para a identificação de genótipos superiores em cada ciclo de seleção.

Atualmente, a maioria das variedades de cana-de-açúcar cultivadas é oriunda de hibridação na qual são utilizadas preferencialmente como progenitores variedades nacionais (BARBOSA, 2001), que são previamente selecionadas por já apresentarem um conjunto de genes de interesse (SOUZA Jr., 1995). Entretanto, o uso generalizado dessas variedades comerciais pode levar a um estreitamento da base genética (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005), devido ao fato de que, na maioria das vezes estas são oriundas de ancestrais muito próximos, com pequena distância genética entre si.

Nas várias etapas de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar são avaliados diversos caracteres morfológicos, fisiológicos e industriais, para que dessa forma, a seleção de novos materiais mais promissores esteja fundamentada em um conjunto de características que contribuam para o total da variância existente entre os materiais. De acordo com Lopes e Carvalho (2008), a variabilidade é o principal pré-requisito para se iniciar um programa de melhoramento genético de determinada espécie e, por isso, os melhoristas buscam por um germoplasma que seja útil aos objetivos de seus programas.

A escolha do material a ser cruzado deve ser criteriosa, visto que, uma vez identificadas as melhores combinações entre genitores, é possível obter o máximo efeito heterótico e maior chance de recuperação dos genótipos superiores nas populações segregantes formadas (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Para a caracterização de genótipos baseada na divergência genética utilizando métodos biométricos, têm sido empregados modelos multivariados, que permitem unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres. Muitas vezes, os pesquisadores encontram dificuldades durante o processo seletivo quando o número de características a serem avaliadas torna-se elevado, além da possibilidade de que algumas dessas características pouco

contribuam para a discriminação dos indivíduos avaliados, levando a um aumento no trabalho de caracterização, sem o aumento da precisão, além de tornar mais complexa a análise e interpretação dos dados (COSTA et al., 2013). Uma alternativa para contornar este inconveniente é a utilização da análise por componentes principais de Pearson. A técnica permite a avaliação da importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos, além de eliminar aqueles caracteres redundantes, propiciando redução da mão-de-obra, tempo e custo. Neste método, a similaridade entre os genótipos é avaliada por meio de uma dispersão gráfica, em que se consideram, em geral, dois eixos cartesianos (CRUZ e REGAZZI, 1997).

A estatística multivariada vem sendo utilizada há muitos anos em diversos estudos sobre a divergência genética entre indivíduos de várias espécies vegetais (MALUF e FERREIRA, 1983; IVOGLO et al., 2008; CARVALHO et al., 2009), contribuindo para a identificação daqueles contrastantes a serem utilizados em cruzamentos, visando a obtenção de segregantes de ampla variabilidade genética. De acordo com Bussab et al. (1990), na técnica multivariada é escolhido um critério que medirá a distância entre dois objetos, ou que quantificará o quanto eles são parecidos e, esta medida pode ser dividida em duas categorias: medidas de similaridade e de dissimilaridade. Cruz e Regazzi (1997) citam dentre as várias técnicas multivariadas que podem ser aplicadas, as análises por componentes principais e variáveis canônicas e os métodos aglomerativos, que utilizam a distância Euclidiana ou a distância generalizada de Mahalanobis como medidas de dissimilaridade.

3.1 Análises de Componentes principais

A análise de componentes principais é uma técnica multivariada que possibilita investigações sobre a diversidade genética de um grupo de genitores a partir de um conjunto de p variáveis, designadas por X_1, X_2, \dots, X_p , e encontrar combinações lineares que produzam um novo conjunto de variáveis (componentes) Z_1, Z_2, \dots, Z_p , ortogonais entre si. Esta ortogonalidade ou ausência de correlação entre os componentes é uma propriedade desejável porque indica que eles estão medindo diferentes “dimensões” dos dados (MANLY, 1998). Em outras palavras, a técnica substitui um conjunto de variáveis correlacionadas por outro de novas variáveis que não são correlacionadas. Se as variáveis originais não forem correlacionadas, o seu emprego não será útil, pois os eixos obtidos serão coincidentes com as variáveis. Já quando as variáveis são dependentes, a variação de uma é, em parte, explicada pela variação das outras, podendo-se eliminar variáveis que não acrescentem informações novas.

A técnica também permite avaliar a importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados (CRUZ, 1990), ou seja, o método é do ponto de vista estatístico, utilizado para encontrar combinações lineares com grande variância, considerando que em muitos estudos exploratórios o número de variáveis disponíveis é muito elevado e o principal interesse do pesquisador se concentra nos desvios das observações (ANDERSON, 1984). Ainda segundo este mesmo autor, uma maneira de reduzir o número de variáveis a serem manipuladas é descartar combinações lineares que apresentem baixa variância, mantendo somente aquelas com variância elevada.

Cruz (1990) afirmou “que se for possível resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes, haverá uma boa aproximação do comportamento dos indivíduos, oriundos de um espaço n -dimensional em um espaço bi ou tridimensional, proporcionando uma simplificação nos cálculos e na interpretação dos resultados quando comparado aos demais métodos alternativos, principalmente quando o número de progenitores for relativamente grande”.

Com o método busca-se uma ordenação decrescente da grandeza destes componentes de tal forma que Z_1 , retenha o máximo de variabilidade disponível, Z_2 o máximo da variabilidade restante disponível e assim por diante (MANLY, 1998; CRUZ; CARNEIRO, 2003). Ou seja, os componentes são escolhidos de forma que $\text{var}(Z_1) \geq \text{var}(Z_2) \geq \dots \geq \text{var}(Z_p)$, sendo, portanto, ordenados considerando a sua variância.

A expectativa de uma análise de componentes principais é que a maior parte da variação dos dados possa ser descrita adequadamente por poucos componentes (Z_s), enquanto as variâncias dos componentes remanescentes sejam tão baixas que possam ser negligenciadas (MANLY, 1998). Neste sentido, a análise busca algumas poucas combinações lineares que possam ser utilizadas para descrever os dados, de modo que a perda de informação seja a menor possível. Esta tentativa de redução da dimensionalidade pode ser qualificada como “redução parcimoniosa” dos dados (MARDIA et al., 1979).

Por outro lado, deve ser enfatizado que a técnica dos componentes principais nem sempre atua no sentido de reduzir um grande número de variáveis originais em pequeno número de variáveis transformadas. Os melhores resultados são obtidos quando as variáveis originais são altamente correlacionadas, seja positiva ou negativamente. Neste caso, a análise de componentes principais será importante em estabelecer medidas relacionadas com as dimensões implícitas nos dados assim como apontar redundância de informações contidas nas variáveis originais (MANLY, 1998).

3.2 Análises de agrupamento

“Análise de agrupamento” refere-se a um conjunto de técnicas multivariadas cujo principal propósito é agrupar indivíduos ou objetos baseado nas características que eles possuem. Assim, indivíduos com descrições similares são matematicamente alocados no mesmo grupo. Os grupos resultantes devem então exibir elevada homogeneidade interna e alta heterogeneidade externa (entre grupos). Por isso, se a classificação for bem sucedida, espera-se que os indivíduos dentro de um grupo formem aglomerados quando plotados geometricamente e, simultaneamente, se distanciem dos aglomerados formados pelos indivíduos de outros grupos.

De acordo com Mohammadi e Prasanna (2003), existem dois tipos básicos de métodos de agrupamento:

- 1) Métodos baseados em distâncias: nesses uma matriz de distâncias entre indivíduos é utilizada como entrada de dados, na análise realizada por meio de um algoritmo de agrupamento específico. Este tipo de método conduz a uma representação gráfica (tais como uma árvore ou dendrograma) que permite identificação visual dos grupos;
- 2) Métodos baseados em modelos: nesses se assume que as observações de cada grupo constituem amostras aleatórias de algum modelo paramétrico particular. Inferências a respeito dos parâmetros correspondentes de cada grupo, assim como dos membros dos grupos são estimados conjuntamente, utilizando métodos estatísticos padrões tais como máxima verossimilhança ou métodos Bayesianos.

3.2.1 Algumas medidas de distância

- **Distância Euclidiana**

A distância euclidiana é, sem dúvida, a medida de distância mais utilizada para a análise de agrupamentos. Considerando o caso mais simples, no qual existem n indivíduos, onde cada um possui valores para p variáveis, a distância euclidiana entre eles é obtida mediante o teorema de Pitágoras, para um espaço multidimensional.

Segundo Manly (1986), “a distância euclidiana, quando for estimada a partir das variáveis originais, apresenta a inconveniência de ser influenciada pela escala de medida, pelo número de variáveis e pela correlação existente entre as mesmas”. Para contornar as diferenças entre as escalas, faz-se a padronização das variáveis em estudo, para que possuam a variância igual à unidade. Considerando dois indivíduos i e i' , a distância entre eles é dada por:

$$d_{ii'} = \left[\sum_{j=1}^p (X_{ij} - X_{i'j})^2 \right]^{1/2}$$

- **Distância Euclidiana média**

A distância entre dois agrupamentos é obtida pela média das distâncias. Nela é possível encontrar o valor da distância através da média aritmética. Através dessa, a distância entre cada conglomerado tem o mesmo peso. A distância euclidiana média é dada por:

$$d_{ii'} = \left[\frac{1}{n} \sum_{j=1}^p (X_{ij} - X_{i'j})^2 \right]^{1/2}$$

em que: n é o número de características analisadas.

- **Distância de Mahalanobis – D^2**

A similaridade entre as unidades amostrais (tratamentos, indivíduos, populações), com relação a um conjunto de características correlacionadas, e a distância entre quaisquer pares de unidades amostrais, deve considerar o grau de dependência entre as variáveis. A medida mais utilizada, para a quantificação das distâncias entre duas populações, quando existe repetição de dados, é a distância de Mahalanobis (D^2).

Conforme Cruz (1990), “a distância de Mahalanobis, considera a variabilidade de cada unidade amostral, sendo recomendada para dados provenientes de delineamentos experimentais e, principalmente quando as variáveis são correlacionadas”. Quando as correlações entre as variáveis forem nulas, consideram-se as variáveis padronizadas, e a distância de Mahalanobis D^2 é equivalente à distância euclidiana.

A forma mais simples de explicar como obter tal medida é a forma matricial, sendo que essa medida entre duas unidades amostrais (tratamentos, indivíduos, populações), i e i' , é fornecida pela notação:

$$D_{ii'}^2 = (\vec{X}_i - \vec{X}_{i'})' S^{-1} (\vec{X}_i - \vec{X}_{i'})$$

em que :

$$\vec{X}_i = [\bar{X}_{i1}, \bar{X}_{i2}, \dots, \bar{X}_{ip}]$$

$$\vec{X}_{i'} = [\bar{X}_{i'1}, \bar{X}_{i'2}, \dots, \bar{X}_{i'p}]$$

\vec{X}_i e $\vec{X}_{i'}$, são os vetores p -dimensionais de médias i

$i \neq i'$ e $i, i' = 1, 2, \dots, n$.

onde S é a matriz de dispersão amostral comum a todas as unidades que, no caso de delineamentos experimentais, trata-se da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

- **Distância de Jaccard**

O índice é calculado para dois fatores binários pela expressão:

$$d_{rs} = \frac{b + c}{a + b + c}$$

Sendo " a " o número de concordâncias do tipo (1, 1), " b " O número de discordância do tipo (1,0), " c " o número de discordância do tipo (0,1) e " d " o número de concordância (0,0).

- **Distância de Cole-Rodgers**

Outra medida de grande importância em estudos de divergência genética a partir de caracteres multicategóricos é a distância de Cole-Rodgers et al. (1987). Segundo Cruz (2008) nesta metodologia é possível estimar a dissimilaridade, e tem a vantagem de poder ser aplicada aos casos em que os acessos avaliados não necessariamente apresentem uma única categoria para cada característica multicategórica. A matriz de distâncias genéticas é calculada a partir da seguinte expressão:

$$d_{ii'} = \sum_j (r_{ij} - r_{i'j})^2$$

em que:

$$r_{ij} = \frac{Y_{ij} + Y_{jmin}}{Y_{jmax} + Y_{jmin}}$$

sendo:

Y_{jmin} : valor mínimo encontrado para a j-ésima característica; e

Y_{jmax} : valor máximo encontrado para j-ésima característica.

4 Seleção simultânea de caracteres (Índice de Seleção)

Em programas de melhoramento genético a seleção com base em um único caráter pode resultar no desenvolvimento de materiais superiores em relação à característica considerada, porém sua importância econômica não será totalmente satisfatória, visto que este material poderá apresentar desempenho inferior em relação a outros caracteres que não foram considerados. Além disso, a presença de correlações negativas pode resultar em alterações desfavoráveis em outros caracteres de interesse. O material vegetal considerado superior será aquele que apresenta simultaneamente vários atributos, os quais irão conferir-lhe um rendimento mais elevado comparado aos demais e que ainda atenda satisfatoriamente o consumidor (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A adoção de índices de seleção constitui-se uma ferramenta que possibilita contornar os inconvenientes anteriormente citados. Nestes métodos, é selecionado simultaneamente um conjunto de caracteres, que irá constituir-se num caráter adicional, sobre o qual será exercida a seleção. Aos caracteres são dados pesos apropriados de acordo com sua importância econômica e, então são combinados compondo um *score* ou índice, de tal maneira que aplicando-se seleção a este, espera-se obter o mais rápido aumento possível no valor econômico (FALCONER e MACKAY, 1996).

O Índice Clássico foi um dos primeiros índices a ser utilizado nos programas de melhoramento vegetal como critério de seleção e foi proposto primeiramente por Smith (1936) e, posteriormente por Hazel (1943), que adaptou o método para o emprego no melhoramento animal. Neste método, o novo caráter estabelecido é uma combinação linear de todos os caracteres envolvidos que apresentam importância econômica, e os coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico.

Para a estimação dos índices é necessária a obtenção das estimativas de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas e de pesos econômicos referentes aos caracteres selecionados. Segundo Pesek e Baker (1969), a determinação do peso econômico das características constitui-se num parâmetro de ordem subjetiva estabelecido pelo melhorista, que muitas vezes devido ao despreparo e falta de um bom suporte científico, pode limitar o uso do índice de seleção, resultando em alguns casos, em questionamento quanto à eficácia desses índices. Os pesos econômicos devem, portanto, ser estabelecidos de forma mais precisa possível, principalmente aqueles referentes às características principais, pois estas irão afetar diretamente o valor genético (HAZEL e LUSH, 1942).

São encontradas na literatura algumas variações deste índice, que foram desenvolvidos por vários pesquisadores utilizando outros critérios de seleção, entre eles incluem: o Índice-base de Williams (1962), o Índice com base nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969), o Índice com base em soma de postos ou “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978), o Índice “livre de pesos” e “livre de parâmetros” apresentado por Elston (1963), entre outros. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), estes diferentes índices representam maneiras alternativas de seleção e obtenção de ganhos genéticos, pois através deles, é possível identificar rápida e eficientemente materiais adequados à finalidade do programa de melhoramento e, além disso, as ferramentas computacionais existentes atualmente facilitam o processo de obtenção destes índices, viabilizando o seu uso no melhoramento de várias espécies vegetais.

Como citado anteriormente, existe uma grande dificuldade de se estabelecer com exatidão os pesos econômicos relativos aos vários caracteres estudados. Falconer e Mackay (1996) mostraram um índice no qual a melhoria do ganho econômico é alcançada a partir do valor do indivíduo, ou seja, das informações obtidas dos materiais em seleção. Assim, os valores econômicos atribuídos aos indivíduos são construídos por meio do valor fenotípico do

mérito, que é o caráter a ser melhorado. Ainda segundo estes autores, os valores econômicos dos indivíduos não podem ser conhecidos no momento em que estão sendo considerados na seleção e, portanto, não podem ser incluídos como um componente do índice.

As estimativas das variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas são obtidas a partir das informações dos indivíduos, conforme descrito a seguir:

$$\begin{aligned} b_2 P_{22} + b_3 P_{23} + \dots + b_m P_{2m} &= A_{21} \\ b_2 P_{32} + b_3 P_{33} + \dots + b_m P_{3m} &= A_{31} \end{aligned}$$

$$b_2 P_{m2} + b_3 P_{m3} + \dots + b_m P_{mm} = A_{m1}$$

O índice é construído a partir da obtenção de coeficientes \hat{b} 's, que podem ser estimados por meio da expressão matricial:

$$[P][b] = [A]$$

Nesta expressão P representa a matriz de variâncias e covariâncias das características medidas (excetuando-se o mérito), b é o vetor dos coeficientes e A é o vetor de covariâncias genotípicas entre o mérito e as variáveis avaliadas. Assim, podemos estimar os coeficientes b 's da seguinte forma:

$$\hat{b} = P^{-1} A$$

Segundo os mesmos autores, podemos relacionar a resposta (Ganho Genético) pela seleção obtida de forma indireta, isto é selecionando o índice para obter ganho no mérito, com a resposta direta, isto é selecionando diretamente o mérito pela expressão:

$$\frac{CR_x}{R_x} = \frac{i_y h_y r_g}{i_x h_x}$$

Para efeitos comparativos, i_x e i_y podem ser considerados iguais, simplificando a expressão.

CAPÍTULO I

CARACTERIZAÇÃO E DESEMPENHO PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADO EM CARACTERÍSTICAS BIOMÉTRICAS E AGROINDUSTRIAIS

RESUMO

As variedades de cana-de-açúcar atualmente cultivadas são híbridos originados de cruzamentos as espécies *Saccharum officinarum* e *S. spontaneum*. Sua constituição genética altamente poliplóide tem resultado na geração de grande variabilidade genética. A caracterização de genótipos baseada em características morfológicas e componentes de produção fornece ao pesquisador informações que auxiliarão as estratégias de seleção visando as melhores combinações genéticas nos cruzamentos, além de permitir a utilização das técnicas agronômicas e de manejo adequados, bem como disponibilizar os recursos necessários de acordo com a exigência da planta em cada ciclo. O objetivo deste estudo foi o de caracterizar genótipos de cana-de-açúcar e avaliar o desempenho produtivo em duas épocas de corte, nos ciclos de cana plana e de primeira cana soca. Foram avaliados 93 genótipos de cana-de-açúcar em experimento conduzido na Estação experimental da Embrapa-Agrobiologia, no município de Seropédica, RJ. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, durante os anos de 2010 a 2013, nos ciclos de cana planta e cana soca. Foi analisado o comportamento fenológico, por meio das avaliações da altura da planta, diâmetro do colmo e número de perfilhos, realizadas dos 90 até os 180 dias após o início da brotação, nos ciclos da cana planta e cana soca. Para a avaliação dos caracteres morfológicos e agroindustriais, foram realizados dois cortes nos dois ciclos da cultura e foram avaliadas as características: Massa de colmo, Massa de ponteira, Massa fresca e seca de dois entrenós e dois nós medianos, número de perfilhos e brix médio. A partir destas características foram estimados caracteres de interesse industrial. Os genótipos demonstraram grande potencial para a exploração canavieira na região de Seropédica, com ampla variação nas características ligadas à produtividade, apresentando média de 95,42 toneladas de colmos por hectare. Para a característica Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare, a maioria dos genótipos apresentou altos valores médios, com destaque para o genótipo RB865230, que apresentou valor 25,4 t.ha⁻¹.

Palavras chave: *Saccharum officinarum*, caracterização de genótipos, produtividade.

ABSTRACT

The Sugarcane varieties growing nowadays are hybrids from crosses of *Saccharum officinarum* and *Saccharum spontaneum*. Their highly polyploidy constitution results a large genetic variability. Morphological and yield characterization of genotypes provides for researchers helpful information to selection of strategies aiming best genetics combinations, allows the use of agronomic techniques and appropriate management, as well the necessary resources, according to plant requirements in each cycle. The aim of this study was to characterize sugarcane genotypes and evaluate their performance in two cutting seasons, in the cycles of plant and first ratoon cane. One hundred genotypes of sugarcane were evaluated in an experiment conducted at Embrapa-Agrobiology experimental station in the municipality of Seropédica, RJ. The design was a randomized block with three replications, during the years 2010-2013, in the cycles of plant and ratoon cane. Plant development was studied through plant height, stem diameter and number of tillers, assessed from 90 to 180 days after onset of sprouting, in the cycles of plant and ratoon cane. For evaluation of morphological, agronomic and industrial characters, two harvests were made in two crop cycles. It was evaluated: mass of stem, mass tip, fresh and dry mass of two internodes and of two nodes median, number of tillers and average brix. From these traits, characters of industrial interest were estimated. The genotypes showed great potential for the sugarcane farm in Seropédica region, with wide variation in traits related to yield, with an average of 95.42 tons of stalks per hectare. For Total Soluble Solids feature in tons per hectare, most genotypes showed high mean values, especially the RB865230 genotype, which showed a value 25.4 t ha⁻¹.

Keywords: *Saccharum officinarum*, characterization of genotypes, yield.

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma cultura de grande importância econômica e social no Brasil, que fornece opções de produtos e subprodutos, e contribui para a distribuição de riqueza e emprego no campo.

As variedades atualmente cultivadas são híbridos originados de cruzamentos entre espécies de *Saccharum officinarum*, com a maior participação, e menor de *S. spontaneum*, *S. sinense* e *S. barberi*, além de alguma contribuição de *S. robustum* (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005). A constituição altamente poliplóide desses materiais tem resultado na geração de grande variabilidade genética, o que é imprescindível para o sucesso de um programa de melhoramento. Segundo Cruz (2005), as informações sobre os valores genotípicos, são de grande interesse para o estabelecimento das comparações entre indivíduos baseadas na superioridade, embora estes não possam ser medidos diretamente. Dessa forma, são utilizados métodos baseados na mensuração de caracteres fenotípicos que possibilitam obter a parte devida aos efeitos genotípicos, isolados do efeito ambiental.

A caracterização de um material vegetal é de grande valia nos programas de melhoramento, pois fornece ao pesquisador informações importantes, como os parâmetros genéticos, que auxiliarão as estratégias de seleção visando as melhores combinações genéticas nos cruzamentos. Características morfológicas tais como descritores qualitativos, nos quais são utilizadas escalas de notas, e caracteres quantitativos que são controlados por vários genes e muito influenciados pelo ambiente, são empregados para diferenciação entre genótipos de cana-de-açúcar, visto que tanto características agrônômicas quanto agroindustriais refletem as diferenças genéticas entre eles (RAMALHO et al., 2008).

Componentes de produção como número, diâmetro, altura e peso de colmos, entre outros, são amplamente usados na caracterização da cana-de-açúcar, podendo também ser úteis na seleção e posterior indicação de genótipos que irão expressar seu máximo desempenho produtivo (CHAUDHARY, 2001; LIU et al., 2007; SANTANA, et al., 2010; DUTRA FILHO et al., 2011). De acordo com Abreu et al. (2007) tais características podem ainda ser empregadas para avaliar o desenvolvimento e a adaptação da cultura a um determinado ambiente.

O teor de Sólidos Solúveis Totais expresso em graus Brix é um caráter tecnológico de interesse agrônômico frequentemente utilizado para analisar o desempenho produtivo e classificar variedades de cana-de-açúcar e, segundo Fernandes (2000), pode ser facilmente determinado em laboratório ou mesmo em campo.

O conhecimento do padrão de crescimento em cada fase permite a utilização das técnicas agrônômicas e do manejo adequados, além de identificar de que forma os fatores edafoclimáticos influenciam a cultura, bem como melhor disponibilizar os recursos necessários de acordo com a exigência da planta em cada ciclo e é importante para estimar a produtividade agrícola.

Cada fase fenológica da cana-de-açúcar é decisiva para o estabelecimento e desenvolvimento da cultura. Em todas as fases, a cultura é dependente de condições naturais específicas de combinação de temperatura ambiente, luminosidade e umidade do solo, sendo muito sensível às variações desses fatores (BARBIERI; VILLA NOVA, 1977). Segundo Brunini (2008), a cana-de-açúcar expressa seu melhor potencial em condições de temperatura e umidade altas, com alta radiação solar durante a fase de crescimento, seguido por um período seco, ensolarado e mais frio durante as fases de maturação e colheita. Segundo Fauconier e Bassereau (1975), para a cana-de-açúcar, a temperatura que favorece o máximo

crescimento situa-se entre 30 e 34 °C, enquanto que abaixo de 25 °C e acima de 38 °C o crescimento é muito lento.

De acordo com Gascho e Shih (1983), cada ciclo da cana-de-açúcar é dividido em quatro fases: A primeira é denominada brotação, na qual a partir das gemas ocorre a emergência dos brotos que constituirão os colmos primários, sendo esta fase caracterizada por um crescimento lento. A segunda trata-se da fase de perfilhamento e do estabelecimento da cultura, seguida da fase de grande crescimento, que culmina com o início da acumulação da sacarose. A última fase é a da maturação, onde acontece o intenso acúmulo de sacarose.

A qualidade da matéria prima que será processada na usina é o objetivo principal do setor sucro-alcooleiro. Esta característica está ligada à capacidade produtiva, que por sua vez, é afetada pelas condições edafoclimáticas, pelas interações entre o genótipo e o ambiente e pela própria resposta do material. Visto que esses fatores interferem na produção e maturação da cultura da cana-de-açúcar, surge a necessidade de se obter informações sobre o período em que determinado genótipo irá apresentar maior riqueza em açúcares, o que irá auxiliar na tomada de decisões da melhor época de colheita, manejo da cultura e escolha do material para fins de melhoramento.

O objetivo deste estudo foi o de caracterizar diferentes genótipos de cana-de-açúcar e avaliar o desempenho produtivo em duas épocas de corte, nos ciclos de cana plana e de primeira soca.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material Vegetal

Os genótipos de cana-de-açúcar foram cultivados na Estação experimental da Embrapa-Agrobiologia, no município de Seropédica, RJ, (22° 44' S e 43° 40' W, a 28 metros de altitude). Segundo a classificação climática de Köppen, a região é do tipo Aw, clima tropical, com chuvas no verão, concentradas entre novembro e março (CRUZ, 2005).

As parcelas experimentais foram compostas por três touceiras em covas e cada parcela ocupava 1,50 m de linha com espaçamento de 1,50 m entre linhas de plantio, com delineamento em blocos. Em cada parcela foi aplicado o equivalente a 500 kg.ha⁻¹ da fórmula 00-28-16 (NPK) e 1360 g de calcário que foram devidamente incorporados antes do plantio. O material propagativo foi constituído por toletes com duas a três gemas que foram distribuídos nas fileiras.

Foram realizados dois plantios, o primeiro bloco em dezembro 2010, o segundo e o terceiro blocos em dezembro de 2011. As avaliações usadas nas análises foram realizadas no período de cana planta e cana soca em cada um dos plantios.

Em cada bloco foram realizadas capinas manuais para minimizar o efeito competitivo das plantas daninhas e adubação de cobertura utilizando uréia (N 44%) na dose de 80 Kg de N.ha⁻¹ para complementar a adubação de base e auxiliar a nutrição das plantas em crescimento.

O material genético é oriundo do Banco de Germoplasma da RIDESA-UFV, doados pelo Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa. Os 100 genótipos de cana-de-açúcar utilizados originalmente neste estudo encontram-se listados na Tabela 1.

Tabela 1. Relação dos genótipos de cana-de-açúcar avaliados com caracteres biométricos e de produção.

RB72454	RB928064	SP70-1143	CB47-355	White Pararia
RB739359	RB93509	SP71-1406	CB49-260	IM76229
RB739735	RB935621	SP71-6163	CB49-15	RB037246
RB765418	RB935744	SP77-5181	RB925211	RB008344
RB825336	RB935788	SP79-1011	RB925345	H Kawan Dang 301
RB835054	RB937570	SP80-1816	RB92656	IN84-73
RB835486	RB946022	SP80-1842	NA56-76	Maneria
RB845197	RB947520	SP80-3280	RB975019	RB987649
RB845210	RB947625	SP80-1836	RB975138	RB037188
RB845257	RB955971	SP81-1763	RB036050	RB037176
RB855035	RB957610	SP81-3250	RB975286	Ganoa Cheni
RB855036	RB965902	SP83-2847	IAC86-2210	CHIN
RB855113	RB965911	SP85-3877	IAC86-2480	RB037153
RB037054	RB966928	SP86-42	IAC87-3396	Cayana
RB855453	RB975198	SP87-365	RB047122	RB988150
RB855536	RB975932	SP91-1049	RB987935	RB997501
RB858927	RB975947	SP88-819	IM76/227	RB037127
RB865230	RB977512	RB037127	RB987934	RB037113
RB867515	RB985523	CB41-76	Putrikhagee	RB047157
RB92579	RB037168	CB45-3	IJ76-293	RB037191

2.2 Dados Climáticos

Foram obtidos os dados referentes à precipitação pluviométrica e temperatura durante o período de condução do experimento nos anos de 2011 a 2013. A partir das leituras coletadas pela estação meteorológica automática de ecologia agrícola/RJ, os dados obtidos pelo Instituto Nacional de meteorologia (INMET) foram transformados em médias mensais e plotados em gráfico para melhor visualização da amplitude térmica e regime de chuvas.

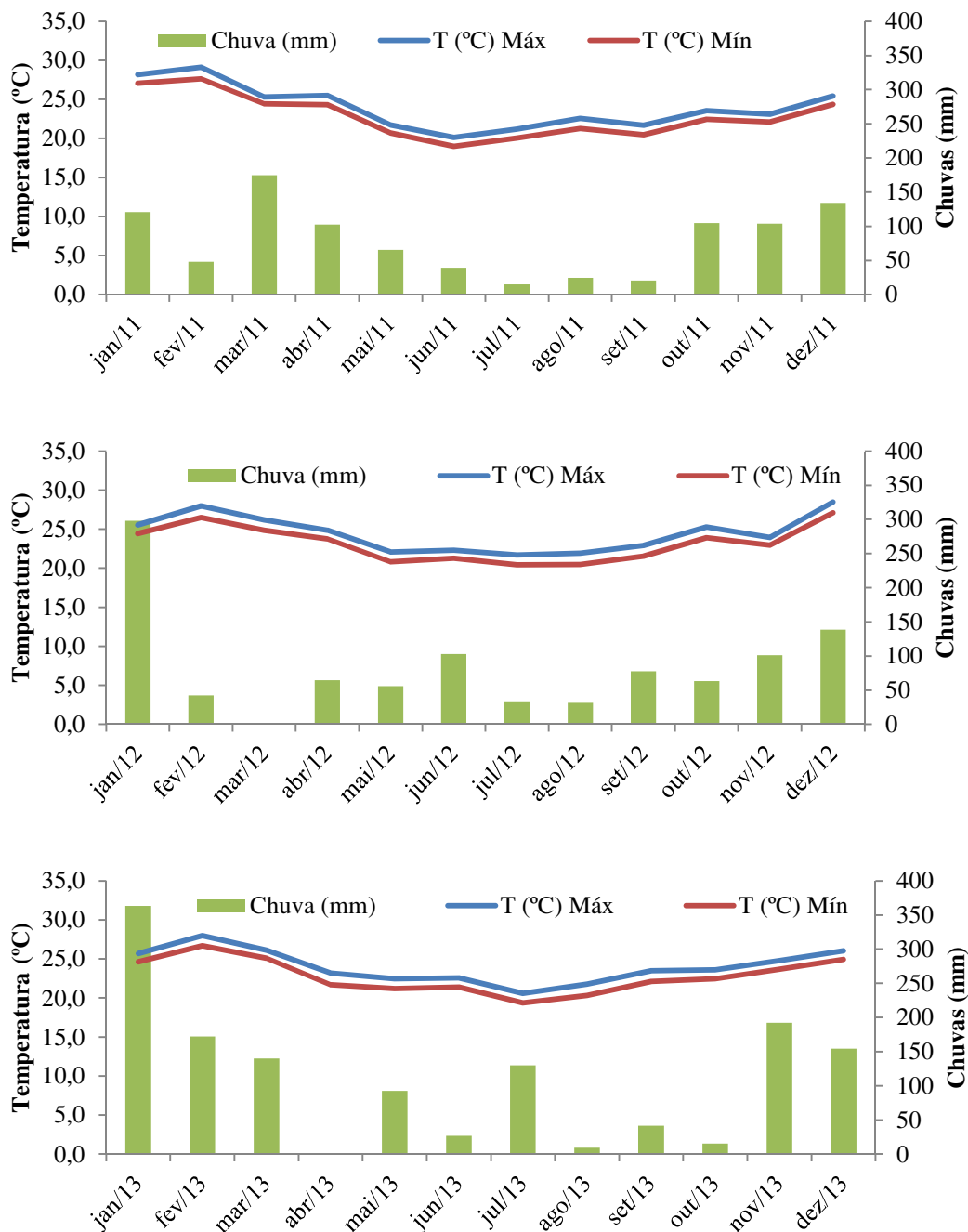


Figura 2. Valores de temperatura máxima e mínima e quantidade de chuva acumulada do município de Seropédica registrados nos anos de 2011 a 2013. Fonte: SADMET/INMET.

2.3 Coleta de Dados

2.3.1 Comportamento Fenológico

As avaliações foram realizadas a partir do momento da brotação das gemas, até os 180 dias após o plantio. Estas avaliações foram executadas no primeiro (cana-planta) e no segundo ciclo (cana-soca). Foram feitas as mensurações da altura da planta e do diâmetro do colmo e a contagem do número de perfilhos.

A mensuração do diâmetro do colmo foi realizada no 2º entrenó basal acima da superfície do solo utilizando um paquímetro, efetuando três repetições por parcela. O número de perfilhos foi obtido pela contagem geral de cada parcela. A altura das plantas foi determinada a partir da medida de três colmos por parcela com auxílio de uma fita métrica, onde de cada colmo foi tomada a medida desde a superfície do solo até a folha +1 (primeira com colarinho visível).

2.3.2 Caracteres morfológicos e agroindustriais

Em cada ciclo da cultura (cana planta e soca), foram realizadas duas colheitas, a primeira no mês de maio e a segunda no mês de novembro. Em cada colheita, foi feita a contagem geral do número de perfilhos e um colmo totalmente desenvolvido, tomado ao acaso de cada parcela nos três blocos. Depois de colhidos e devidamente identificados, os colmos foram separados das ponteiros e levados ao laboratório para as análises.

No laboratório, primeiramente foi realizada a pesagem individual das ponteiros. Nos colmos foram realizadas a medida do comprimento com auxílio de uma trena, a pesagem e a contagem do número de entrenós. As pesagens foram feitas em balança eletrônica (JH2102, Bioprecisa) com precisão até a segunda casa decimal. Em seguida, foram retirados dois entrenós basais e dois medianos com seus respectivos nós. Para os entrenós foram realizadas medidas do comprimento com régua graduada, do diâmetro com paquímetro e a pesagem. e, dos nós medianos, efetuou-se somente a pesagem. Após as avaliações, os entrenós basais, medianos e os nós foram acondicionados individualmente em sacos de papel e mantidos em estufa para secagem à temperatura de 70 °C, onde permaneceram até atingir a Massa constante, seguida de nova pesagem para obter os valores de Massa seca. Essas pesagens foram feitas com balança analítica (JA3003N, Bioprecisa) com precisão até a quarta casa decimal.

Para a avaliação da característica tecnológica de produção foi utilizada a estimativa do teor de sólidos solúveis totais médio (Brix Médio) a partir do caldo extraído dos entrenós em diferentes regiões do colmo (base, mediana e ápice). Esta análise foi realizada por refratrometria, utilizando o refratômetro portátil (RT-30 ATC, Instrutherm), e por meio das leituras foram obtidos os resultados expressos em graus Brix (g de sólidos solúveis totais em 100g de solução).

Os caracteres quantitativos de interesse agrônômico foram analisados por meio de estimativas utilizando as seguintes equações:

- Tonelada de colmos por hectare (TCH)

$$TCH = \frac{MC \times NP}{1,5 \times 100}$$

em que:

MC: Massa do colmo (em gramas) sem a ponteira

NP: Número de perfilhos na parcela

1,5: é o espaçamento entre linhas

- Tonelada de Ponteiras por hectare (TPH)

$$TPH = (MP * NP) / (1,5 * 100)$$

em que:

MP: Massa da ponteira em gramas

NP: Número de perfilhos na parcela

1,5: é o espaçamento entre linhas

- Porcentagem de água no colmo (%AC)

$$\%AC = \frac{(MFE + MFN - MSE - MSN) \times 100}{(MFE + MFN)}$$

em que:

MFE e MSE: Massa Fresca e Seca de dois entrenós medianos

MFN e MSN: Massa Fresca e Seca de dois nós medianos

- Tonelada de água no colmo por hectare (TACH)

$$TACH = (\%AC / 100) * TCH$$

- Tonelada de Caldo por hectare (TCaH)

$$TCaH = \frac{TCaH}{(100 - \text{Brix Médio})} \times 100$$

- Sólidos Solúveis Totais por hectare (SSTH)

$$\text{SSTH} = \text{TCaH} \times \frac{\text{Brix Médio}}{100}$$

- Produção de Bagaço em Tonelada por hectare (PB)

$$\text{PB} = \text{TCH} - \text{TACH} - \text{SSTH}$$

- Massa Seca de Colmos (MSC)

$$\text{MSC} = \frac{(\text{Massa Seca Entrenó} + \text{Massa Seca Nó})}{(\text{Massa Fresca Entrenó} + \text{Massa Fresca Nó})}$$

- Tonelada de Massa Seca por hectare (TMSH)

$$\text{TMSH} = \text{PB} * \text{MSC}$$

- Tonelada de Massa Verde (TMVH)

$$\text{TMVH} = \text{TCH} + \text{TPH}$$

2.4 Análise estatística

A análise do comportamento fenológico e dos caracteres morfológicos e agroindustriais foi realizada através da análise de variância (ANOVA), segundo o delineamento em blocos ao acaso, utilizando o modelo em parcelas subdivididas. Na análise do comportamento fenológico, considerando como tratamentos principais genótipo e ciclo como fatorial e as avaliações como tratamento secundário (subparcelas). Na análise dos caracteres morfológicos e agroindustriais também foi considerado como tratamento principal genótipo e ciclo como fatorial e corte como subparcela dentro de genótipo e ciclo. Para todas as análises foram realizadas a determinação do CV, teste F e teste de comparação de médias Scott Knott (5%) para comparação dentre genótipos e Newman Keuls (5%) para demais comparações, utilizando o programa estatístico SAEG 9.1 (SAEG, 2007).

Foram calculados a partir dos resultados os coeficientes de variação genético (CV_g), os coeficientes de variação ambiental (CV_e), as variâncias genotípicas (σ^2_g) e fenotípicas das médias (σ^2_{fm}) e as herdabilidades no sentido amplo a nível de médias (h^2_A).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Comportamento Fenológico

Os resultados da análise de variância mostram que houve diferença significativa entre os genótipos e entre os ciclos da cultura (cana-planta e cana-soca) para as características Altura da Planta, Diâmetro de Colmo e Número de Perfilhos (Tabela 2).

Os parâmetros genéticos estimados apresentados na Tabela 2 mostram que o coeficiente de variação genética foi alto para os caracteres altura e número de perfilhos, e que foi superior ao componente de variância fenotípica, visto que, os valores observados na razão CVg/Cve foram muito próximos ou iguais a um, o que indica que estes caracteres são mais estáveis e sofrem menor influência ambiental. Leite, Peternelli e Barbosa (2006) comentaram que o número de colmos é o mais estável dos caracteres, ou seja, apresenta pouca variação em relação ao ambiente sendo, dessa forma, muito importante para predizer ganhos esperados com seleção. De acordo com este resultado pode-se inferir que a obtenção de genótipos superiores com base nestas características pode ser efetiva, visto que, além da variabilidade observada, em sua maior parte, devida à expressão genética existente, estes caracteres também apresentaram valores da herdabilidade de moderado a alto.

Com relação à característica altura da planta, houve a formação de dois grupos de genótipos diferentes entre si estatisticamente, de acordo com o teste de Scott Knott a 5%. A altura média observada foi de 98,81 cm e, os genótipos RB965911 e SP71-1406 apresentaram a maior e a menor altura média de 131,00 e 58,75 cm, respectivamente. Em seu trabalho, Carmo Neto et al. (2011) verificaram que os genótipos SP80-1816, SP85-3877, RB855536, RB867515, SP81-3250, RB565230 e RB928064 diferiram significativamente dos demais, para a característica altura de planta, no primeiro corte. O presente estudo corrobora com esse resultado revelando que os mesmos genótipos também apresentaram superioridade em termos de altura média das plantas, com exceção dos genótipos RB855536 e SP81-3250, que diferiram estatisticamente do primeiro grupo apresentando menor altura média. Ainda segundo estes autores, considerando apenas o primeiro corte, o genótipo IAC86-2480 destacou-se dos demais apresentando menor altura, o que foi também observado no presente estudo comparando estes mesmos genótipos. O genótipo IAC86-2480 enquadrou-se no grupo de menor altura média, apresentando o valor de 94,1 cm, abaixo da média de todos os genótipos (Anexo A).

Para a característica diâmetro de colmo foi observada a formação de três grupos, com destaque para o genótipo RB867515 que apresentou maior diâmetro de colmo médio de 2,70 cm (Anexo D). De acordo com o catálogo da RIDESA (2010) esta é uma variedade que é caracterizada por colmos de diâmetro médio e que, devido suas características, apresenta bom desempenho agroindustrial e possui grande expressão no setor sucroalcooleiro.

O número de perfilhos médio foi a característica que permitiu a formação de um maior número de grupos, sendo observados quatro grupos estatisticamente diferentes entre si, sendo o genótipo White Pararia, o que apresentou o maior número médio, que foi de 40 perfilhos por parcela (Anexo F). Esta é uma variedade rústica (*Saccharum Sinense*), considerada antiga por não ter sofrido modificações ao longo do tempo. No presente trabalho, foram avaliados materiais de diferentes origens, como cultivares comerciais, variedades rústicas e clones em fase de seleção, dessa forma, diferenças significativas entre os genótipos eram esperadas.

O genótipo IAC86-2480 diferiu estatisticamente do genótipo RB72454 apresentando superioridade com relação ao número de perfilhos (Anexo F). Silva et al. (2008) também observou resultado semelhante comparando os mesmos genótipos. Embora o genótipo IAC86-2480 tenha apresentado maior capacidade de perfilhamento comparado ao genótipo

RB72454, no presente estudo, quando se considera o ciclo da cultura, esse apresentou uma redução significativa no perfilhamento no ciclo de cana soca (Anexo G), o que não é desejável, pois espera-se que haja boa capacidade de rebrota na soqueira. O ambiente, neste caso, os diferentes anos, também pode ter contribuído de forma negativa na resposta desse genótipo. Pode ser observado na Figura 2, que no ano de 2012 as plantas em ciclo de cana planta se beneficiaram da regular disponibilidade hídrica com chuvas bem distribuídas ao longo dos meses. No ano de 2013, houve uma maior quantidade de chuva, no entanto, o regime foi irregular, com restrição hídrica principalmente nos meses que antecederam as colheitas. De acordo com Wiedenfeld e Enciso (2008), as baixas quantidades pluviométricas e a irregularidade de distribuição das chuvas restringem o crescimento da cultura e proporcionam impactos negativos da produtividade e qualidade dos canaviais.

A capacidade de perfilhamento foi relatada por Casagrande (1991) como uma característica que varia de acordo com a cultivar, ou seja, depende da sua programação genética, além de ser influenciada por fatores ambientais. Dessa forma, de acordo com o ambiente de cultivo, o genótipo poderá expressar diferentes respostas. Como exemplo, pode ser citado o trabalho de Lima et al., (2006) o qual demonstrou que a cultivar SP79-1011 foi superior à cultivar CB 45-3 quanto à capacidade de perfilhamento no tratamento sem adubação, já no presente estudo, as mesmas cultivares também diferiram entre si estatisticamente, entretanto, foi a cultivar CB 45-3 que apresentou maior número médio de perfilhos por parcela (Anexo F).

De acordo com Marafon (2012), a intensidade de perfilhamento é uma importante característica de interesse para a produtividade. Ainda segundo James (1971) e Mariotti (1971), por ser uma característica varietal e apresentar grande correlação com a produção, a capacidade de perfilhamento e a sobrevivência dos perfilhos são aspectos importantes a serem selecionados.

Houve interação de genótipos dentro de ciclos da cultura para as três características estudadas, o que indica diferenças significativas entre os genótipos para cada ciclo (Tabela 2).

Considerando a altura das plantas, no 2º ciclo da cultura (ciclo de cana soca) os genótipos que apresentaram menor altura média foram: RB946022, RB947520, RB03 7168, SP70 1143, SP71 1406, SP81 1763, SP81 3250, SP87 365, RB925211, RB925345, NA56 76, RB975138, RB037191, IJ76-293, IM76/229, GANOA CHENI, CHIN, RB037153, CAYANA, RB997501 e RB037127 (Anexo B). Diferenças significativas entre os genótipos para a característica altura das plantas em diferentes ciclos da cultura também foram observadas no trabalho de Carmo Neto et al. (2011). A alongação e altura final dos colmos são controladas geneticamente e influenciadas por condições edafoclimáticas que, por sua vez, afetam diretamente a resposta da cultura. Visto que os ciclos representam ambientes contrastantes (diferentes anos), por causa dos fatores climáticos dos anos, os genótipos avaliados que apresentaram diferença significativa, provavelmente possuem comportamento dependente deste fator.

Com relação ao diâmetro dos colmos, o desdobramento da interação mostra diferença significativa entre os ciclos da cultura para 74 dos 93 genótipos avaliados, sendo observados os menores diâmetros do colmo no ciclo de cana soca (Anexo E).

Para a característica número de perfilhos, foi observada no desdobramento da interação uma redução no perfilhamento no 2º ciclo da cultura para os genótipos RB037217, RB975286, IAC86-2480, IN84-73, RB037153 e RB997501 (Anexo G).

Tabela 2. Resultado da análise de variância e parâmetros genéticos estimados de comportamento fenológico de 93 genótipos de cana-de-açúcar em dois ciclos (cana planta e soca) e quatro avaliações anuais.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio		
		Altura	Diâmetro	NP
Genótipo (G)	92	3538,7**	0,911**	444,44**
Ciclo (Ci)	1	126848,8**	230,407**	326,48*
Ci*G	92	1816,9**	0,517**	110,97**
Erro (A)	185	1244,8	0,31	83,23
Avaliação (A)	3	362062,7**	4,151**	1960,33**
Ci*A	3	5107,1**	2,02**	633,93**
A*G	276	279,2**	0,088 ^{ns}	31,15**
Ci*A*G	276	280,5**	0,089 ^{ns}	32,26**
Resíduo	558	154,9	0,141	22,49
Média Geral		98,8 cm	2,2 cm	21
Média Mínima dos Genótipos		58,8 cm	1,3 cm	8
Média Máxima dos Genótipos		131,0 cm	2,7 cm	40
CV%		12,60	17,16	22,34
CVg		12,1	9,1	22,6
CVg/Cve		0,96	0,53	1,01
σ_g^2		143,37	0,04	22,58
σ_{fm}^2		221,17	0,06	27,78
h_A^2		0,65	0,66	0,81

CV%=Coeficiente de variação; CVg=Coeficiente de variação genético; Cve=Coeficiente de variação ambiental; σ_g^2 =variância genotípica; σ_{fm}^2 =variância fenotípica das médias; h_A^2 =Herdabilidade no sentido amplo a nível de médias. *,** e ns, Significativo a 5% e 1%, respectivamente, e não significativo pelo teste F.

Houve efeito significativo da avaliação e da interação entre a avaliação e os ciclos da cultura para as três características estudadas (Tabela 2). Conforme o esperado, para a característica altura da planta foi observada diferença significativa entre as avaliações em ambos os ciclos da cultura, havendo um aumento da altura média ao longo das avaliações (Tabela 3).

Tabela 3. Valores médios da característica Altura da planta (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Avaliação	Altura	NK
1 ^a	65,68	D
2 ^a	82,69	C
3 ^a	110,18	B
4 ^a	136,67	A

Médias seguidas de letras diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade

No desdobramento da interação entre avaliação dentro de ciclo, nota-se que em todas as avaliações a altura média das plantas foi maior no ciclo de cana planta. Considerando os ciclos dentro das avaliações, observa-se o aumento na altura média das plantas ao longo das avaliações, tanto em cana planta quanto em cana soca (Tabela 4). A faixa ideal de temperatura mais favorável ao desenvolvimento vegetativo situa-se entre 24°C e 34°C (FAUCONIER;

BASSEREAU, 1975; LIU et al., 1999). No presente estudo, a temperatura média do ar situou-se dentro desta faixa propiciando o aumento na taxa de crescimento da cultura, conforme observado ao longo das avaliações (Figura 2).

O crescimento das plantas mostrou-se adequado em função da fase da cultura, e de acordo com o relatado na literatura a cultura apresenta curva de crescimento no padrão sigmoidal (IRVINE, 1983; BRZESOWSKY, 1986), no qual é observado um crescimento lento na fase inicial, rápida alongação na segunda fase e máximo crescimento na fase final que culmina com a maturação.

Tabela 4. Valores médios da interação Ciclo*Avaliação para a característica Altura da planta (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Avaliação	Ciclo			
	Cana planta		Cana Soca	
1 ^a	74,84	Ad	56,53	Bd
2 ^a	92,51	Ac	72,88	Bc
3 ^a	123,67	Ab	96,69	Bb
4 ^a	141,14	Aa	132,20	Ba

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha e minúsculas nas colunas, diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Foi verificado efeito significativo de avaliação para a característica diâmetro de colmo, com o maior diâmetro médio observado na 3^a avaliação (aos 150 dias). Não foi observada diferença significativa entre a 1^a e a 2^a avaliações (aos 90 e aos 120 dias) (Tabela 5). Taupier e Rodrigues (1999) relatam que o diâmetro de colmo pode variar desde 1,0 cm podendo atingir até 5,0 cm. De fato, algumas variedades avaliadas neste estudo como, por exemplo, Chin, Ganoa Cheni e Maneria (espécies *S. sinense*) são materiais rústicos, que apresentam colmos finos e fibrosos, conforme foi observado (Anexo D), e este valor praticamente não aumentou durante o ciclo. Cesnik e Miocque (2004) consideram diâmetros médios os valores entre 2 e 3 cm e relatam que a taxa de crescimento aumenta até atingir o seu máximo, havendo em seguida uma diminuição progressiva até o ciclo vegetativo se completar.

Tabela 5. Valores médios da característica Diâmetro do colmo (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Avaliação	Diâmetro	NK
1 ^a	2,10	C
2 ^a	2,12	C
3 ^a	2,33	A
4 ^a	2,21	B

Médias seguidas de letras diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade

No desdobramento da interação entre avaliação dentro de ciclo observa-se que em todas as avaliações o diâmetro médio do colmo foi maior no ciclo de cana planta. Considerando o ciclo dentro das avaliações, no ciclo de cana planta somente foi observada diferença significativa entre a 2^a e 4^a avaliações (aos 120 e aos 180 dias, respectivamente). No ciclo de cana soca, não houve diferença significativa entre a 2^a e a 4^a avaliações (aos 120 e aos

180 dias), e foi observado o maior diâmetro médio do colmo na 3ª avaliação (aos 150 dias) (Tabela 6). Este fato pode ser explicado pela forma de amostragem (aleatória) na escolha dos colmos a serem avaliados.

O diâmetro dos colmos é outro componente da produtividade de fundamental importância no desenvolvimento da planta. Segundo Humbert (1968), este componente varia em função de diferentes variedades e, além disso, de um modo geral, o diâmetro dos colmos oriundos da colheita de cana soca pode ser menor que o diâmetro dos mesmos quando oriundos de cana planta, o que corrobora com o observado neste estudo.

Outros autores confirmam que a variação observada para este componente é característica intrínseca de cada cultivar e pouco influenciada pelo ambiente (Cesnik e Miocque, 2004). Oliveira et al. (2011) acrescentam ainda que o diâmetro do colmo é a característica que possivelmente apresenta a menor variação, já que tanto depende das características genéticas da variedade, bem como do número de perfilhos, do espaçamento utilizado, da área foliar e das condições ambientais. De fato, as variedades rústicas que apresentaram menores valores de diâmetro no presente estudo, foram as que apresentaram os maiores valores de perfilhamento por parcela (Anexo F). Santana et al. (2010) verificaram que o número de colmos está associado negativamente com o diâmetro, o que dificulta a seleção simultânea ou indireta entre os pares de caracteres. Ao passo que, Van Dillewijn (1952) estudando diferentes grupos de cana-de-açúcar concluiu que existe uma correlação negativa não proporcional entre diâmetro dos colmos das touceiras e perfilhamento dos cortes subsequentes, o que indica que quanto menor o diâmetro dos colmos, menor o perfilhamento das touceiras e, conseqüentemente, menor a produtividade.

Tabela 6. Valores médios da interação Ciclo*Avaliação para a característica Diâmetro do colmo (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Avaliação	Ciclo			
	Cana Planta		Cana Soca	
1ª	2,55	Abc	1,65	Bc
2ª	2,50	Ac	1,73	Bb
3ª	2,62	Aabc	2,03	Ba
4ª	2,66	Aab	1,76	Bb

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha e minúsculas na coluna, diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Segundo Machado et. al. (1982), na fase inicial de desenvolvimento da cultura da cana-de-açúcar, ocorre um intenso perfilhamento, seguido de uma diminuição no número de colmos, decrescendo mais lentamente até a época de colheita.

Para a característica número de perfilhos (NP) não foi observada diferença significativa entre a 1ª e 4ª avaliações. O maior número médio de perfilhos foi encontrado na 2ª avaliação (aos 120 dias) (Tabela 7). De acordo com Silva (2007), aos 120 dias ocorre a paralisação de novos perfilhos. Nesta fase, há uma grande competição pelos fatores de crescimento (luz, água e nutrientes), o que irá refletir na inibição do processo de divisão celular, além da morte dos perfilhos mais jovens. De fato, a partir dos 120 dias houve uma redução significativa no número de perfilhos por parcela nas duas avaliações seguintes (3ª e 4ª avaliações).

Segundo Casagrande (1991), o perfilhamento também aumenta com o aumento da temperatura, até atingir o máximo ao redor de 30°C. Ao longo das avaliações a temperatura

permaneceu abaixo desta temperatura (Figura 2). Quanto à intensidade luminosa Bezuidenhout (2003) relata que ocorre variação da densidade de perfilhos de acordo com esta condição. Em maiores intensidades luminosas a cultura tende a perfilhar mais.

Tabela 7. Valores médios da característica Número de perfilhos (NP), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Avaliação	NP	
1 ^a	21	B
2 ^a	24	A
3 ^a	19	C
4 ^a	21	B

Médias seguidas de letras diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

No desdobramento da interação entre avaliação dentro de ciclo, não foi observada diferença significativa entre os ciclos de cana planta e soca na 3^a avaliação. Na 1^a e 4^a avaliações o maior número médio de perfilhos foi observado no ciclo de cana planta e, na 2^a avaliação, observado no ciclo de cana soca. Considerando o ciclo dentro de avaliação, no ciclo de cana planta houve diferença significativa entre as avaliações, com os maiores NP médios observados na 2^a e 3^a avaliações. No ciclo de cana soca somente a 2^a avaliação diferiu estatisticamente das demais, apresentando o maior número médio com 25 perfilhos (Tabela 8). Embora tenha sido observada no ciclo de cana soca (ano de 2013) uma maior quantidade de chuva durante o período das avaliações (fevereiro a maio) (Figura 3), nota-se menor capacidade geral de perfilhamento e de sobrevivência dos mesmos, conforme observado na 1^a e 4^a avaliações. Segundo Casagrande (1991) no início do perfilhamento a cana-soca possuiu um número menor de perfilhos quando comparada com a cana-planta, contudo este número tende a se igualar com o passar do tempo, o que não se confirmou nesta pesquisa (Tabela 8).

Tabela 8. Valores médios da interação Ciclo*Avaliação para a característica Número de perfilhos (NP), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Avaliação	Ciclo			
	Cana Planta		Cana Soca	
1 ^a	22	Ab	20	Bbc
2 ^a	23	Ba	25	Aa
3 ^a	19	Ac	19	Abc
4 ^a	23	Aa	19	Bc

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha e minúsculas na coluna, diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Para a maioria dos genótipos o NP médio não diferiu estatisticamente entre as avaliações. Os genótipos que apresentaram redução no número de perfilhos ao longo das avaliações foram RB037153 e RB037188. Comportamento diferente foi observado para os genótipos CB45-3, CB49-15, Maneria, RB935621, RB957610, RB985523 e SP88-819 que apresentaram diferença significativa entre as avaliações sendo observado um aumento no número médio de perfilhos na 2^a avaliação (Anexo H). Em geral, não foram observadas

grandes oscilações no número médio de perfilhos ao longo das avaliações para os genótipos estudados.

Nota-se que no segundo ciclo, durante o desenvolvimento inicial dos colmos, houve uma redução no vigor dos genótipos para as características estudadas. Este resultado pode ser devido às características da própria cultura, lembrando que neste estudo foram avaliadas tanto variedades melhoradas quanto variedades rústicas. Além disso, o manejo da soqueira pode ter influenciado de maneira negativa a rebrota e, conseqüentemente, prejudicado o desenvolvimento inicial. Segundo Marchiori (2004) diferentes condições ambientais, manejo, variedade, época e tipo de colheita, as quais as plantas são submetidas exercem influência sobre a resposta da cultura a cada ciclo de desenvolvimento.

Estes caracteres biométricos, além de fornecerem informações sobre o comportamento da cultura ao longo do desenvolvimento e nos dois ciclos estudados, permitirão uma estimativa da produtividade, levando-se em consideração que são governados pela constituição genética da cultivar e sofrem influência do ambiente (SKINNER, 1967). Skinner et al. (1987) relatam que na maioria dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar a seleção do caráter principal baseia-se em caracteres secundários, como por exemplo, altura de plantas, diâmetro de colmo, número de perfilhos e graus Brix, visto que esses são componentes da produção e, além disso, a sua seleção é mais fácil.

3.2 Caracteres morfológicos e agroindustriais

3.2.1 Caracteres biométricos e tecnológicos de produção

Os resultados da análise de variância, realizada para os caracteres biométricos e tecnológicos, Massa do colmo (MC), Massa do Palmito (MP), Massa Fresca de dois entrenós medianos (MFE), Massa Fresca de dois nós medianos (MFN), Massa Seca de dois entrenós medianos (MSE), Massa Seca de dois nós medianos (MSN), Número de Perfilhos (NP) e Brix Médio (BM), avaliados em duas épocas de colheita (maio e novembro) e em dois ciclos da cultura (cana planta e cana soca), estão apresentados na Tabela 9.

A análise de variância demonstrou que existem diferenças altamente significativas entre os genótipos para todos os caracteres estudados, com exceção da característica MC, na qual foi detectada diferença significativa entre os genótipos a 5% de probabilidade (Tabela 9). Este resultado evidencia a existência de variabilidade genética entre os genótipos, o que indica boa possibilidade na seleção de genótipos promissores com base nestas características (Anexos I a P).

Com relação ao efeito do ciclo da cultura (cana planta e cana soca), somente para a característica MC não foi observada diferença significativa. Para as demais, observa-se que foram altamente influenciadas pelos ciclos da cana, e a variação observada nessas características pode ser devida aos efeitos de ambiente, diferentes nos dois anos do ciclo da cultura, bem como a efeitos fisiológicos inerentes aos ciclos. Durante o desenvolvimento da cultura, as variações climáticas exercerão forte influência nas características das plantas interferindo na produtividade e na qualidade tecnológica da cana-de-açúcar. Além disso, em cada ciclo fenológico, essas diferentes condições ambientais irão afetar o rendimento em maior ou menor magnitude. Outros fatores como o tipo de manejo empregado, a época de plantio, variedade, época e tipo de colheita, também merecem atenção a fim de prever as respostas da cultura em diferentes condições (MARCHIORI, 2004).

Houve efeito significativo de corte para todas as variáveis. Na interação entre ciclo e corte, somente para a característica MP não foi observada diferença significativa (Tabela 9). No desdobramento das interações pode ser observado que em ambos os cortes houve redução

no MC no ciclo de cana soca. Considerando o corte, tanto no 1º quanto no 2º ciclo, na colheita realizada em novembro foi observado maior acúmulo de massa nos colmos (Tabela 10).

A característica massa do colmo é o parâmetro que apresenta maior correlação com a produção (MARAFON, 2012) e, por isso é utilizada para se estimar a produtividade da cultura. Qualquer fator que leve a redução no valor deste parâmetro, afetará a produtividade final da cultura.

Entre os diversos fatores que influenciam a produtividade da cultura, a disponibilidade de água é de extrema importância, além disso, dependendo do ciclo vegetativo em que a cultura esteja e a cultivar, essa necessidade pode variar (AUDE, 1993). Wiedenfeld (2000) observou que a cana-de-açúcar submetida ao estresse hídrico no terceiro e quarto períodos do seu ciclo, teve redução de 8,3 a 15% no rendimento. De acordo com os dados climáticos mostrados na figura 2, as plantas foram submetidas a um ambiente desfavorável no segundo ciclo (safra 2013) no qual foi observado um regime irregular de chuvas e um período de estiagem que antecedeu à colheita, prejudicando o crescimento dos colmos. Maule et al. (2001) relatam que a disponibilidade de água no solo governa a produção vegetal, e dessa forma, o ideal é que haja uma distribuição regular das chuvas ao longo do ano, ou seja, deve haver água no solo à disposição da planta durante o ciclo vegetativo.

O NP também foi influenciado pelo ciclo da cultura e pela época de corte (Tabela 9). Como citado anteriormente, esta é uma característica que apresenta variação devido à própria constituição genética do material, bem como das condições edafoclimáticas em que se encontram. Câmara (1993) afirma que a época de plantio e a época de corte da cana planta ou das soqueiras, associadas à maturação das variedades, influem no perfilhamento e no número final de colmos industrializáveis. Como os genótipos avaliados são materiais que apresentam diferentes épocas de maturação, o efeito de época de corte pode ter sido influenciado por esta condição.

A Tabela 9 mostra as estimativas da herdabilidade no sentido amplo em nível de médias (h^2_A), os valores das médias mínimas e máximas, bem como as médias gerais para cada variável, o Coeficiente de Variação (CV%), as variâncias genéticas e fenotípicas das médias, o coeficiente de variação genético (CVg) e a razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental (CVg/CVe).

Os valores do Coeficiente de variação foram relativamente altos, o que pode ser atribuído a problemas na amostragem, diferenças existentes entre populações e ambiente (RAMALHO, 1993). No entanto, estes valores altos dos CV's não chegaram a prejudicar a análise visto que foi observada variação genética significativa na análise de variância (DUTRA FILHO et al., 2011). Além disso, estes valores podem ser justificáveis por serem variáveis medidas em ensaios agrícolas de campo.

A maioria das características apresentou valores de herdabilidade das médias de moderada a alta $h^2_A > 0,50$ (RESENDE, 2002), o que significa que a maior parte da variação fenotípica observada entre as médias pode ser atribuída a diferenças genotípicas. As características NP e BM foram as que apresentaram os maiores valores de herdabilidade no sentido amplo, de 0,83 e 0,89, respectivamente (Tabela 9). Esses são dois importantes componentes de produção a serem selecionados. De acordo com Skinner et al. (1987), estudos mostram que o Brix é um dos caracteres de maior herdabilidade, o que foi confirmado neste trabalho, sendo a seleção para este caráter mais eficiente, ou seja, indica maior possibilidade de obtenção de genótipos superiores nas fases iniciais de seleção. Além desses, a MC também é um importante componente de produção, entretanto, neste estudo este caráter apresentou valor de herdabilidade muito abaixo do esperado, 0,26, indicando grande influência ambiental afetando negativamente a seleção deste componente. Pedrozo et al. (2009) também verificaram baixo valor de herdabilidade individual no sentido amplo para massa média de

colmos de 0,1579 e 0,2087, em duas populações de primeira geração clonal avaliadas em dois ciclos de produção (cana planta e cana soca).

Embora tenham sido calculados os valores das herdabilidades, estes não são os mais adequados para serem usados no presente caso, uma vez que os materiais analisados não representam uma população, mas sim materiais escolhidos entre as cultivares em uso e materiais de bancos de germoplasma. Nestes casos, é mais adequado utilizar-se o Coeficiente de Variação Genética (CVg).

Foram observados coeficientes de variação genética de magnitude maior do que 10%, indicando haver variabilidade. Entretanto, ao se analisar os valores da razão CVg/Cve , observa-se que estes foram menores do que a unidade, o que significa que os caracteres estudados sofreram influência ambiental. A única característica que apresentou maior relação CVg/Cve foi BM, sugerindo que esta sofre maior influência da variação genética do que a influência ambiental. Dessa forma, estes resultados revelaram que para a identificação de genótipos superiores utilizando estes caracteres, os melhores resultados serão obtidos utilizando o caráter Brix Médio possibilitando o sucesso na seleção, visto que, mostrou variabilidade entre os genótipos e por ter também apresentado elevada herdabilidade.

As estimativas da variância genotípica foram mais elevadas para os caracteres relacionados a massa (MC, MP e MFE), sendo observados para os caracteres MC e MFE valores distantes entre as variâncias genotípicas e fenotípicas, o que contribuiu para diminuir a herdabilidade dos caracteres, evidenciando que a maior parte da variação fenotípica dessas variáveis é devida à variação dos efeitos ambientais (Tabela 9).

Tabela 9. Resultado da análise de variância e parâmetros genéticos estimados de características morfológicas e agronômicas de 71 genótipos de cana-de-açúcar em dois ciclos (cana planta e soca) e dois cortes anuais.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio							
		MC	MP	MFE	MFN	MSE	MSN	NP	BM
Genótipo (G)	70	547794,9*	11342,8**	7571,5**	153,4**	544,0**	13,5**	162,0**	55,4**
Ciclo (Ci)	1	1514,5 ^{ns}	95548,9**	268317,2**	333,4**	16047,6**	106,1**	562,1**	318,1**
Ci*G	70	108787,1 ^{ns}	4079,9 ^{ns}	1902,5 ^{ns}	34,3 ^{ns}	157,3 ^{ns}	2,8 ^{ns}	34,1 ^{ns}	6,2 ^{ns}
Erro (a)	282	404724,7	4051,7	3625,0	69,4	208,5	5,3	6,3	28,3
Corte (Co)	1	13294670,0**	499157,9**	55357,5**	2536,4**	16087,9**	805,0**	747,4**	5014,1**
Ci*Co	1	1597304,0**	393,1 ^{ns}	92649,9**	1336,4**	4115,1**	158,6**	59,9 ^{ns}	99,2**
Co*G	70	112754,7 ^{ns}	4597,1 ^{ns}	953,8 ^{ns}	37,7 ^{ns}	83,1 ^{ns}	2,6 ^{ns}	33,3 ^{ns}	8,4 ^{ns}
Ci*Co*G	70	66217,5 ^{ns}	3359,7 ^{ns}	713,9 ^{ns}	26,5 ^{ns}	69,8 ^{ns}	1,8 ^{ns}	23,3 ^{ns}	4,8 ^{ns}
Resíduo	284	100053,1	3837,5	1278,1	43,7	90,2	3,20	32,4	6,4
Média Geral		1034,9 g	205,2 g	108,5 g	17,8 g	29,5 g	5,3 g	14	16,8
Média Mínima dos Genótipos		390,4 g	122,2 g	32,6 g	5,8 g	9,7 g	1,9 g	9	9,4
Média Máxima dos Genótipos		1386,6 g	280,5 g	145,2 g	25,0 g	41,3 g	7,7 g	28	19,4
CV%		30,6	30,2	32,9	37,2	32,2	33,6	39,3	15,1
CVg		10,6	12,0	16,7	14,9	17,9	15,6	23,8	12,0
CVg/CVe		0,34	0,40	0,51	0,40	0,56	0,46	0,61	0,80
σ^2_g		11922,52	607,59	328,87	7,00	27,96	0,69	11,14	4,09
σ^2_{fm}		45649,58	945,23	630,96	12,78	45,33	1,13	13,50	4,62
h^2_A		0,26	0,64	0,52	0,55	0,62	0,61	0,83	0,89

MC=Massa do colmo; MP=Massa do Palmito; MFE=Massa Fresca de dois entrenós medianos; MFN=Massa Fresca de dois nós medianos; MSE=Massa Seca de dois entrenós medianos; MSN=Massa Seca de dois nós medianos; NP=Número de Perfilhos e BM=Brix Médio (°Brix). CV%=Coeficiente de variação; CVg=Coeficiente de variação genético; CVe=Coeficiente de variação ambiental; σ^2_g =variância genotípica; σ^2_{fm} =variância fenotípica das médias; h^2_A =Herdabilidade no sentido amplo em nível de médias.

*, ** e ns, Significativo a 5% e 1%, respectivamente, e não significativo pelo teste F.

Tabela 10. Valores médios da interação Ciclo*Corte para a característica Massa de Colmo (MC), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Corte	Ciclo	
	Cana Planta	Cana Soca
Maio	951,90 Ab	867,97 Bb
Novembro	1204,40 Aa	1115,14 Ba

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha e minúsculas nas colunas, diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

As características MFE e MSE foram influenciadas pelo corte e ciclo. Pode ser observado pelo desdobramento das interações que houve redução nas massas fresca e seca dos dois entrenós medianos em ambos os cortes no ciclo de cana soca. Considerando o ciclo da cultura, tanto em cana planta quanto em cana soca, na colheita de novembro houve um aumento da massa seca dos entrenós medianos, indicando que a colheita no mês de novembro favoreceu o maior acúmulo de matéria seca, devido à permanência por um período maior no campo (Tabela 11).

A disponibilidade hídrica afeta as características morfológicas na cultura da cana-de-açúcar, devido principalmente a redução da partição dos fotoassimilados, afetando diretamente o acúmulo de matéria seca (INMAN-BAMBER e SMITH, 2005). Pode ser observado na Figura 2 que no ciclo de cana planta (ano de 2012), houve uma melhor distribuição das chuvas, favorecendo este acúmulo (Tabela 11).

Tabela 11. Valores médios da interação Ciclo*Corte para as características Massa Fresca de dois Entrenós Medianos (MFE) e Massa Seca de dois Entrenós Medianos (MSE), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Corte	Ciclo	
	Cana Planta	Cana Soca
	MFE	
Maio	128,62 Aa	72,27 Bb
Novembro	123,88 Ab	109,24 Ba
	MSE	
Maio	31,68 Ab	18,60 Bb
Novembro	35,97 Aa	31,69 Ba

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha e minúsculas na coluna, diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Este mecanismo de acúmulo ocorreu para a região do nó, o qual apresentou a mesma resposta observada nos entrenós, embora os tecidos de tais partes do colmo sejam anatomicamente diferentes. De acordo com Dinardo-Miranda et al. (2008) a região do colmo que corresponde ao nó, é constituída por um emaranhado de feixes vasculares, possui um maior teor de fibra e menor teor de sacarose.

No desdobramento das interações entre corte e ciclo, as características MFN e MSN apresentaram diferenças significativas entre os ciclos da cultura em ambos os cortes, ou seja,

tanto na colheita em maio quanto em novembro, foi observada uma redução na massa fresca e seca dos dois nós medianos no ciclo de cana soca (Tabela 12).

Tabela 12. Valores médios da interação Ciclo*Corte para as características Massa Fresca de dois Nós Medianos (MFN) e Massa Seca de dois Nós Medianos (MSN), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Corte	Ciclo	
	Cana Planta	Cana Soca
	MFN	
Maio	17,91 A	14,16 B
Novembro	20,11 A	18,86 B
	MSN	
Maio	5,13 A	3,56 B
Novembro	6,37 A	6,21 B

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha, diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

No desdobramento da interação entre ciclo e corte para a característica BM pode ser observado que, considerando os cortes, houve diferença significativa entre os dois ciclos, sendo observada no segundo ciclo (cana soca), uma redução no teor de açúcar. Considerando o ciclo da cultura, tanto em cana planta quanto em cana soca, houve diferença significativa entre os cortes, com a colheita do mês de novembro apresentando um aumento significativo no BM dos colmos (Tabela 13).

Para que alcance alta produção de sacarose, a planta precisa de temperatura e umidade adequadas para permitir o máximo crescimento na fase vegetativa, seguida de restrição hídrica ou térmica para favorecer o acúmulo de sacarose no colmo na época de corte (INMAN-BAMBER e SMITH, 2005). Para Gheller (1999) este período representa um repouso fisiológico necessário para que haja redução ou interrupção do crescimento e assim, os produtos fotoassimilados sejam armazenados nos colmos, ao invés de serem utilizados no processo de crescimento. No período que antecedeu ao segundo corte (Figura 2), essas condições foram ideais para que ocorresse o acúmulo de sacarose, como pode ser verificado pelo resultado da análise (Tabela 13).

O detalhamento desta interação é importante, visto que, fornecerá ao melhorista informações necessárias quanto à estratégia na escolha dos genótipos e da época mais adequada para o corte, visando o maior teor de açúcar acumulado nos colmos.

Tabela 13. Valores médios da interação Ciclo*Corte para a característica Brix Médio (BM), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Corte	Ciclo	
	Cana Planta	Cana Soca
Maio	15,4 Ab	13,5 Bb
Novembro	19,5 Aa	19,0 Ba

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha e minúsculas na coluna, diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

De acordo com o Teste F, não houve efeito significativo das interações entre Ciclo e Genótipo, Corte e Genótipo e entre Ciclo, Corte e Genótipo para as variáveis estudadas (Tabela 9). Este fato indica que o comportamento relativo dos genótipos não se modificou do ciclo de cana planta para o de cana soca, nem do primeiro para o segundo corte. Isso possibilita que a seleção seja feita pela média geral e sugere também que a seleção feita no primeiro ciclo forneça resultados coerentes com a feita no segundo ciclo.

3.2.2 Caracteres de interesse industrial

De acordo com os resultados da análise de variância, podem ser observadas diferenças significativas entre os genótipos para todas as características avaliadas (Tabela 14 e Anexos Q a AB). Considerando o ciclo da cultura, somente para as variáveis TPH, %AC, PB, MSC e TMSH não houve efeito significativo. Assim como no presente estudo, Melo et al. (2009) também verificaram efeito altamente significativo do ciclo de colheita da cana para o caráter TCH, indicando comportamento específico entre os genótipos, durante os cortes da cana.

Para a maioria das variáveis não foi observado efeito significativo de corte, além da interação entre genótipo e ciclo (cana planta e cana soca), em que também não foi observado efeito significativo para nenhum dos caracteres estudados. Entretanto, Melo et al., (2006) e Bueno et al. (2012) verificaram comportamento específico entre os genótipos analisados em vários ciclos de colheita e, devido a esta resposta, os autores concluíram que os materiais devem ser avaliados em outros ambientes ou safras agrícolas, para se estimar a interação e, fazer com que o seu efeito seja minimizado.

Houve interação entre corte x genótipo e ciclo x corte x genótipo para as variáveis %AC e MSC, indicando que os cortes e os ciclos da cultura interferiram na resposta dos genótipos com relação ao acúmulo de água no colmo e a biomassa produzida. Para a característica %AC houve a formação de dois grupos diferentes entre si estatisticamente de acordo o teste Scott Knott (5%), com destaque para o genótipo CB47-355 com a maior porcentagem de água no colmo de 76,8% e para a variedade Maneria, com o menor valor médio de 66,7% (Anexo S). Os valores médios da porcentagem de água nos colmos para os genótipos RB85536 e SP80-1816 foram de 73,4% e 69,2%, bem próximos aos observados por Santana (2012) para esses mesmos genótipos que foram de 71,63% e 69,81%, respectivamente.

Considerando o efeito do corte sobre os genótipos, somente o genótipo RB72454 não apresentou diferença significativa entre a colheita de maio e novembro para as características %AC e MSC. Os demais genótipos apresentaram menores %AC e maiores valores de MSC no corte de novembro (Anexos S e V). Este fato possivelmente pode ser explicado pela adequada disponibilidade hídrica na ocasião da colheita em novembro, que propiciou o maior acúmulo de água no colmo (Figura 2).

Foi observada na análise variância, efeitos altamente significativos do ciclo para a característica TCaH, que expressa a estimativa do conteúdo de caldo no colmo. Este fato ocorre, pois os parâmetros que compõem esta característica variaram muito, visto que sofrem interferência das condições ambientais. Como visto anteriormente, a %AC foi uma das características que sofreu efeito tanto da variedade, como também do corte e das interações entre corte e genótipo e ciclo, corte e genótipo. Segundo Bernardes e Câmara (2001), a cana-de-açúcar é composta por, aproximadamente, 84-90% de caldo e 10-16% de fibra (matéria insolúvel em água). O caldo, por sua vez, é composto de água (75-82%), sólidos solúveis (18-25%) correspondendo em sua maior parte aos açúcares (principalmente sacarose, 14-24%) e

outros elementos (sais minerais, gorduras e ceras, substâncias pécnicas, gomas e mucilagens, materiais corantes, aminoácidos, ácidos livres e substâncias nitrogenadas).

As características que deram origem às estimativas dos caracteres tecnológicos de produção analisados neste estudo foram obtidas por meio de medições diretas, caracterizando o valor fenotípico do indivíduo, porém, de acordo com Falconer (1989) o que determinará a influência do caráter na geração seguinte será o valor genético. Assim, escolher os indivíduos de acordo com seus valores fenotípicos irá depender do grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético, ou seja, conhecer o quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica é de grande importância.

Os valores das variâncias genotípicas e fenotípicas de maior magnitude foram observados para os caracteres de interesse agrônomo de produção TMVH, TCH, TCaH, além da característica tonelada de água no colmo por hectare, seguida das características, TPH e SSTH, que apresentaram valores expressivos, porém de menor magnitude. Com relação à herdabilidade, as características TPH, TCaH e SSTH apresentaram os maiores valores e a maioria dos demais caracteres relacionados à produção apresentaram valores considerados satisfatórios (Tabela 14), visto a complexidade dessas características que, por se tratarem de características quantitativas, podem ser muito influenciadas pelo ambiente, levando à baixas estimativas de herdabilidade. No que diz respeito às relações entre Colmo e Palmito e Entrenó e Nó, foram observados os mais baixos valores de herdabilidade de 0,28 e 0,39, respectivamente (Tabela 14). Altos valores de herdabilidade, resultantes da proporção herdável da variabilidade total, são um indicativo de sucesso no processo de seleção (GONÇALVES et al., 2007). Quanto maior o valor da herdabilidade, maior será a possibilidade de serem alcançados ganhos com a seleção (MELO et al., 2005). Para a cana-de-açúcar, que é uma cultura de propagação assexuada, a informação da herdabilidade no sentido amplo é importante desde que toda a variabilidade genética seja utilizada entre as gerações de seleção assexuada (HOGARTH, 1971). De acordo com estes resultados, e observando os altos valores dos coeficientes de variação genética, os maiores ganhos na seleção seriam obtidos para esses caracteres.

Considerando os coeficientes de variação genética (CVg), a maioria dos caracteres apresentou valores acima de 10%, tendo a característica SSTH apresentado o valor 27,2%. Segundo Oliveira et al. (2005) e Bastos et al. (2007) valores acima de 10% indicam considerável variabilidade entre os genótipos. Em concordância com o resultado obtido, Bastos et al. (2007) observaram valores de CVg acima de 20% para a característica toneladas de Brix por hectare, garantindo a possibilidade de se praticar efetiva seleção entre os clones de cana-de-açúcar estudados com base neste caráter.

No presente estudo, ao serem analisados os valores da relação CVg/CVe, observa-se que grande parte dessa variabilidade foi devida à influência ambiental sobre estes caracteres e, a característica que apresentou a maior razão CVg/CVe foi SSTH (0,60). Vale ressaltar que estas características são estimativas obtidas a partir dos caracteres biométricos, que mostraram o mesmo comportamento em termos de variação, ou seja, a expressão do fenótipo foi influenciada pelo ambiente de cultivo.

Neste estudo, foi observada, em média, a produção de 83,4 ton.ha⁻¹ de caldo, dos quais 14,5 toneladas são de sólidos solúveis totais. Esta é uma característica tecnológica de produção que indica a qualidade da matéria prima, alvo dos programas de melhoramento. Além desses, outras características, como a Tonelada de Colmos por Hectare (TCH), são frequentemente empregadas para estimar a produtividade agrícola em diferentes condições de ambiente, ciclos de colheita e variedades. O valor médio de TCH foi de 95,42, superior à produtividade média brasileira estimada em 74,1 ton.ha⁻¹ para a safra 2013/2014 (CONAB, 2013), com o maior e o menor valor médio observados para os genótipos RB865230 e IN84-73 de 168,53 e 28,52 ton.ha⁻¹, respectivamente, o que corrobora com os resultados observados

em outros estudos com cana-de-açúcar, devendo ressaltar que estes trabalhos foram realizados com genótipos distintos e em locais com condições edafoclimáticas diferentes. Os materiais avaliados no presente estudo, em geral, apresentaram bom potencial produtivo nas duas safras para esta região (Anexos Q e AB).

Considerando os genótipos, foi observado que a variedade RB865230 apresentou bom desempenho em várias características estudadas. Durante as fases iniciais de desenvolvimento, destacou-se juntamente com o grupo dos genótipos com maiores valores médios para os caracteres: altura da planta, diâmetro de colmo e número de perfilhos (Anexos A, D e F, respectivamente). Manteve a mesma resposta para estas características no ciclo de cana soca, ou seja, não foi observada diferença significativa entre os ciclos para estes mesmos caracteres (Anexos B, E e G). Ao longo das avaliações não apresentou oscilações em termos de altura da planta, apresentando valores progressivos em termos de alongação (Anexo C).

Com relação aos caracteres biométricos, onde foram avaliados dois cortes anuais e dois ciclos, somente para os caracteres BM e NP não foi observado o mesmo padrão de comportamento para o genótipo RB865230. Houve diferença significativa para esses caracteres e o genótipo ficou no grupo que apresentou menores valores médios, segundo o teste de Scott Knott (Anexos O e P).

Foi observado ainda que o genótipo destacou-se no grupo dos materiais com maiores valores médios para as características TCH, TMVH, TCaH e SSTH (Anexos Q, W, AA e AB), que são caracteres de interesse agroindustrial, importantes a serem selecionados em programas de melhoramento. Este genótipo, de fato, apresenta como características: alta produtividade agrícola, alto perfilhamento em cana planta e soca, velocidade de crescimento alta e teores de sacarose médios (RIDESA, 2010). Devido a estas características essa variedade vem sendo utilizada em cruzamentos visando obter progênies com bom desempenho agroindustrial (MORAES et al., 2010).

Tabela 14. Resultado da análise de variância e parâmetros genéticos estimados de características de interesse industrial de 71 genótipos de cana-de-açúcar em dois ciclos (cana planta e soca) e dois cortes anuais.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio											
		TCH	TPH	%AC	TACH	PB	MSC	TMVH	TMSH	C/P	E/N	TCaH	SSTH
Genótipo(G)	70	7645,2**	373,1**	41,9**	4166,3**	177,4*	0,0042**	10611,9**	49,4**	11,4**	8,8**	6193,1**	231,1**
Ciclo (Ci)	1	48235,1**	2,3 ^{ns}	0,81 ^{ns}	28388,8**	0,34 ^{ns}	0,00008 ^{ns}	48908,9**	55,4 ^{ns}	34,0**	539,0**	48307,8**	2589,1**
Ci*G	70	2352,8 ^{ns}	96,9 ^{ns}	11,6 ^{ns}	1198,0 ^{ns}	65,9 ^{ns}	0,0012 ^{ns}	3165,35 ^{ns}	19,7 ^{ns}	3,5 ^{ns}	5,2 ^{ns}	1812,8 ^{ns}	63,5 ^{ns}
Erro (A)	282	3507,1	95,5	16,3	1973,7	57,0	0,002	4424,3	19,8	8,2	5,3	2928,2	98,5
Corte (Co)	1	3673,7 ^{ns}	11959,9**	2827,1**	197,4 ^{ns}	13,3 ^{ns}	0,3**	2376,6 ^{ns}	673,8*	1463,5**	1,9 ^{ns}	2654,1 ^{ns}	4828,6**
Ci*Co	1	9,4 ^{ns}	77,9 ^{ns}	6,8 ^{ns}	72,8 ^{ns}	235,5 ^{ns}	0,00068 ^{ns}	141,3 ^{ns}	52,7 ^{ns}	39,8**	66,0**	1,7 ^{ns}	0,25 ^{ns}
Co*G	70	1225,8 ^{ns}	71,5 ^{ns}	18,5**	665,2 ^{ns}	39,8 ^{ns}	0,0019**	1602,6 ^{ns}	13,7 ^{ns}	5,3 ^{ns}	3,3 ^{ns}	967,7 ^{ns}	41,8 ^{ns}
Ci*Co*G	70	1157,9 ^{ns}	57,5 ^{ns}	13,6**	629,2 ^{ns}	40,5 ^{ns}	0,0014**	1481,2 ^{ns}	13,9 ^{ns}	4,4 ^{ns}	4,2 ^{ns}	1011,1 ^{ns}	37,2 ^{ns}
Resíduo	284	2279,7	83,6	10,0	1230,4	63,5	0,001	2923,0	16,6	4,6	4,3	1648,0	45,1
Média Geral		95,42	19,70	71,92	68,95	12,0	0,3	115,1	6,84	5,38	6,16	83,4	14,5
Média Mínima dos Genótipos		28,52	11,09	66,74	19,39	5,6	0,23	39,65	2,41	2,81	3,88	21,47	2,1
Média Máxima dos Genótipos		168,53	35,99	76,80	123,28	25,5	0,33	199,42	11,87	8,49	9,45	148,69	25,4
CV%		50,04	46,40	4,40	50,87	66,3	11,28	46,96	59,53	39,83	33,72	48,67	46,5
CVg		19,5	24,4	2,0	19,6	25,7	4,9	19,7	24,2	9,7	8,7	23,3	27,2
CVg/Cve		0,39	0,53	0,46	0,39	0,39	0,43	0,42	0,41	0,24	0,26	0,5	0,6
σ_g^2		344,84	23,13	2,14	182,71	9,5	0,000214	515,63	2,73	0,27	0,29	378,8	15,5
σ_{fm}^2		637,10	31,09	3,50	347,19	14,8	0,00035	884,32	4,11	0,95	0,73	516,1	19,3
h_A^2		0,54	0,74	0,61	0,53	0,64	0,61	0,58	0,66	0,28	0,39	0,73	0,80

TCH= Tonelada de Colmo por Hectare; TPH=Tonelada da Ponteira por Hectare; %AC=Porcentagem de Água no Colmo; TACH=Tonelada de Água no Colmo por Hectare; PB= Estimativa da Produção de Bagaço em toneladas por hectare; MSC= Teor de Massa Seca no Colmo; TMVH= Tonelada de Massa Verde Total por Hectare; TMSH= Tonelada de Massa Seca por Hectare; C/P= Relação Colmo/Palmito; E/N=Relação Entrenó/nó; TCaH= Tonelada de Caldo por Hectare; SSTH= Sólidos Solúveis Totais por Hectare. CV%=Coeficiente de variação; σ_g^2 =variância genotípica; σ_{fm}^2 =variância fenotípica das médias; h_A^2 =Herdabilidade no sentido amplo.

*, ** e ns, Significativo a 5% e 1%, respectivamente, e não significativo pelo teste F.

Houve interação entre ciclo e corte para as variáveis C/P e E/N. A Tabela 15 mostra os valores médios da interação Ciclo*Corte para a relação C/P, podendo ser observado o efeito de ciclo com relação aos cortes, onde tanto na colheita de maio quanto em novembro, houve uma redução nos valores médios desta característica no ciclo de cana soca. Considerando o efeito dos cortes com relação aos ciclos da cultura, tanto no ciclo de cana planta quanto na cana soca, o corte em novembro propiciou maiores valores médios da relação C/P, indicando maior acúmulo de biomassa concentrada nos colmos.

Para a relação E/N houve efeito significativo da interação corte e ciclo. Em ambos os cortes foram observados maiores valores médios da variável E/N no primeiro ciclo da cultura. Quanto ao efeito do ciclo sobre os cortes, no ciclo de cana planta, a primeira colheita favoreceu a maior massa fresca do entrenó, ao contrário, em cana soca, o maior valor médio da relação E/N foi observado em novembro (Tabela 15). Esta é uma relação esperada, indicando que o acúmulo de biomassa está ocorrendo no tecido de armazenamento de água e açúcar que são os fatores que constituirão a qualidade da matéria-prima.

Tabela 15. Valores médios das relações entre Colmo/Palmito e Entrenó/Nó, estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Corte	Ciclo	
	Cana Planta	Cana Soca
	Colmo/Palmito	
Maio	4,49 Ab	3.66 Bb
Novembro	6.71 Aa	6.68 Ba
Corte	Entrenó/Nó	
	Cana Planta	Cana Soca
	Colmo/Palmito	
Maio	7,28 Aa	5,13 Bb
Novembro	6,63 Ab	5,59 Ba

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na linha e minúsculas na coluna, diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

CONCLUSÕES

1. Os genótipos apresentaram ampla variação nas características ligadas à produtividade, como por exemplo, TCH, que apresentou uma média de 95,42 ton.ha⁻¹ e mínimo de 28,52 ton.ha⁻¹ e máximo de 168,53 ton.ha⁻¹, demonstrado grande potencial para a seleção de materiais para a exploração canavieira na região de Seropédica;
2. As variáveis Número de perfilhos e Brix Médio apresentaram as maiores herdabilidades, sendo a variação fenotípica observada predominantemente devido às causas genéticas, indicando potencial para a seleção de materiais com base nestes caracteres;
3. Para os genótipos estudados, a maioria das variáveis apresentou herdabilidade média a alta, favorável ao processo de seleção entre os materiais envolvidos e mostraram-se úteis para a caracterização dos genótipos estudados;
4. A maioria dos genótipos destacou-se para a característica de interesse industrial SSTH, com o maior valor médio de 25,4 t.ha⁻¹ observado para o genótipo RB865230.

CAPÍTULO II

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE CANA-DE- AÇÚCAR COM BASE EM CARACTERES BIOMÉTRICOS, DESCRITORES MORFOLÓGICOS E MARCADORES MOLECULARES

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar por meio de técnicas multivariadas utilizando caracteres biométricos, Descritores Morfológicos e Marcadores Moleculares, comparar os agrupamentos obtidos e verificar a distribuição de genótipos que se destacam na característica industrial SSTH em diferentes grupos. Os 97 genótipos de cana-de-açúcar utilizados neste estudo foram cultivados na Estação Experimental de Embrapa Agrobiologia, em Seropédica, RJ, durante os anos de 2010 a 2013. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com três repetições. As características biométricas avaliadas foram: massa de colmo, massa de ponteira, massa fresca e seca de dois entrenós medianos, massa fresca e seca de dois nós, °Brix médio, número de perfilhos e estimativa de sólidos solúveis totais por hectare (SSTH), além de Descritores Morfológicos e Marcadores Moleculares. A análise dos componentes principais foi realizada e as estimativas de dissimilaridade foram obtidas pela distância Mahalanobis e Euclidiana. Com base nas distâncias, a análise de cluster foi realizada pela UPGMA. Para avaliar a diversidade genética utilizando marcadores moleculares, utilizou-se o coeficiente de Jaccard e o cluster UPGMA. Os diferentes tipos de marcadores permitiram a identificação da divergência genética entre os genótipos, no entanto, esta dissimilaridade parece estar relacionada à variabilidade entre as características utilizadas. Caracteres biométricos e Descritores Morfológicos Qualitativos foram os principais contribuintes para a dissimilaridade genética. Os tipos de marcadores utilizados neste estudo permitiram identificar diferentes grupos, apontando os genótipos mais contrastantes e mais produtivos em termos de SSTH, contribuindo com informações que poderiam auxiliar nas estratégias de acasalamento em programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: Técnicas multivariadas, Dissimilaridade genética, cana-de-açúcar.

ABSTRACT

The objective of this study was to estimate the genetic divergence between sugarcane genotypes by multivariate techniques using biometric characters, Morphological Descriptors and Molecular Markers, compare the obtained clusters and verify the distribution of genotypes that stand out in SSTH industrial characteristic in different groups. The 97 sugarcane genotypes used in this study were cultivated at the Embrapa Agrobiology Experimental Station, in the city of Seropédica, RJ, during the years 2010 to 2013. The experimental design was a randomized block design with three replicates. The biometric characteristics evaluated were: stem mass, tip mass, fresh and dry mass of two median internodes, fresh and dry mass of two median nodes, mean Brix, number of tillers and total soluble solids estimate per hectare (SSTH), besides Morphological Descriptors and Molecular Markers. The analysis of the main components was performed and the dissimilarity estimates were obtained by the Mahalanobis and Euclidian distance. Based on the distances, the cluster analysis was performed by UPGMA. To evaluate genetic diversity using molecular markers, we used the Jaccard coefficient and the UPGMA cluster. The different types of markers allowed the identification of the genetic divergence among the genotypes, however, this dissimilarity seems to be related to the variability among the characteristics used. Biometric characters and Qualitative Morphological Descriptors were the main contributors to genetic dissimilarity. The types of markers used in this study allowed to identify different groups, pointing out the more contrasting and more productive genotypes in terms of SSTH, contributing with information that could help mating strategies in sugarcane breeding programs.

Keywords: Multivariate techniques, Genetic dissimilarity, sugarcane.

1 INTRODUÇÃO

O cultivo da cana-de-açúcar no Brasil representa uma das atividades agrícolas de maior importância econômica e social. Graças à excelente eficiência de conversão fotossintética da cultura, que permitiu uma produtividade excepcional, em torno de 75 t.ha⁻¹ em média na última década (CONAB, 2013) e a crescente demanda pelos produtos do setor sucroalcooleiro, tem sido observado um aumento significativo do número de usinas para outros polos, como é o caso dos Estados da Região Centro-Oeste, que hoje é considerada o segundo maior polo produtor brasileiro com cerca de 70 usinas (NOVACANA, 2014).

Com o aumento na área disponível para cultivo, espera-se um incremento em produtividade e, para atender às demandas do setor, novas variedades melhoradas são disponibilizadas, visando satisfazer as necessidades do mercado, além de substituir aquelas que começam a demonstrar sinais de degenerescência e, conseqüentemente, perdas em produtividade agrícola. Essas novas cultivares são produzidas a partir de programas de melhoramento, por meio de cruzamentos controlados entre materiais que apresentem grande divergência genética entre si (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005). Segundo estes autores, a divergência genética é um dos principais requisitos para a seleção de genitores a serem intercruzados, pois será a partir destes cruzamentos que serão obtidas populações das quais haverá uma chance razoável de serem selecionados indivíduos superiores.

As informações sobre a divergência entre materiais a serem utilizadas em programas de melhoramento são obtidas por meio de modelos biométricos, como as análises dialélicas e por métodos multivariados. Dentro destes podem ser citados a análise por componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Atualmente, além dos métodos preditivos com uso de marcadores agrônômicos, bioquímicos e morfológicos, vários pesquisadores têm empregado os marcadores moleculares para a determinação da divergência genética. Para SALLA et al. (2002), marcadores agrônômicos apresentam a limitação de serem facilmente influenciados pelo ambiente, ao passo que, os marcadores moleculares além de não serem influenciados por variações ambientais, permitem acelerar a obtenção de genótipos desejáveis e podem estar ligados a locos que determinam características de interesse (FUGANTI et al., 2004).

A estatística multivariada tem sido uma ferramenta amplamente utilizada no estudo da diversidade genética para diversas espécies vegetais como feijão (RODRIGUES et al., 2002), hortaliças (BÜTTOW et al., 2010; OLIVEIRA et al., 2004), espécies florestais (MARTINS et al., 2002), entre outras. O pesquisador deve estabelecer um critério de escolha para que o método multivariado a ser empregado na predição da diversidade seja o mais adequado de acordo com a precisão desejada, pela facilidade em que este pode ser analisado ou de acordo com a forma em que os dados experimentais foram obtidos (CRUZ, 2005).

Na predição de genitores a serem utilizados em cruzamentos, as informações dos caracteres quantitativos ou dos marcadores moleculares são utilizadas para estimar a distância genética entre eles. Esta é geralmente quantificada por meio de uma medida de dissimilaridade, como a distância euclidiana ou de Mahalanobis, sendo esta última mais utilizada por levar em consideração a existência de correlações entre os caracteres analisados.

Uma vez obtidas as estimativas de distância entre cada par de genitores, é desejável visualizar e interpretar as distâncias, sendo esta facilitada pela utilização de um método de agrupamento e/ou dispersão gráfica. Entre eles os mais utilizados são os métodos hierárquicos e os de otimização (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Outro método de grande utilidade em estudos da diversidade genética é a análise de componentes principais, que tem por finalidade proporcionar simplificação estrutural dos dados facilitando a interpretação das variáveis originais (LIBERATO, 1995). Ou seja, o conjunto original de variáveis é transformado em outro conjunto (que são os componentes

principais), de dimensões equivalentes. Estes componentes são independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, em termos de variação total, contida nos dados originais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Este trabalho teve como objetivos estimar a divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar por meio de técnicas multivariadas, utilizando caracteres biométricos, marcadores morfológicos e moleculares, bem como comparar os agrupamentos obtidos e verificar a distribuição dos genótipos que se destacaram na característica industrial S_{STH}(é a primeira vez que aparece, deve dizer por extenso) nos grupos provenientes dos agrupamentos com os diferentes marcadores.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material vegetal

Os genótipos de cana-de-açúcar utilizados neste estudo estão listados na Tabela 16 e, são oriundos do Banco de Germoplasma da RIDESA-UFV, doados pelo Dr. Márcio H. Pereira Barbosa. Estes materiais foram cultivados na Estação experimental da Embrapa-Agrobiologia, no município de Seropédica, RJ. A Estação está localizada a 28 metros de altitude e coordenadas 22° 44' S e 43° 40' W, e possui classificação climática de Köppen do tipo Aw, clima tropical, com chuvas no verão, concentradas entre novembro e março (CRUZ, 2005).

O experimento foi conduzido durante os anos 2010 a 2013, sendo avaliados dois ciclos vegetativos (cana planta e cana soca), e foi dividido em dois plantios. O primeiro bloco foi instalado em dezembro 2010, o segundo e o terceiro blocos em dezembro de 2011.

As parcelas experimentais foram compostas por três touceiras em covas e cada parcela ocupava 1,50 m de linha com espaçamento de 1,50 m entre linhas de plantio, com delineamento em blocos. Em cada parcela foi aplicado o equivalente a 500 kg.ha⁻¹ da fórmula 00-28-16 (NPK) e 1360 g de calcário que foram devidamente incorporados antes do plantio. O material propagativo foi constituído por toletes com duas a três gemas que foram distribuídos nas fileiras. Foram realizadas capinas manuais para minimizar o efeito competitivo das plantas daninhas e adubação de cobertura utilizando uréia (N 44%) na concentração de 80 Kg de N.ha⁻¹ para complementar a adubação de base e auxiliar a nutrição das plantas em crescimento.

Tabela 16. Relação dos 97 genótipos de cana-de-açúcar avaliados com descritores morfológicos, caracteres biométricos e marcadores moleculares (*ESTs-SSRs*).

RB72454	RB928064	SP70-1143	CB47355	White Pararia
RB739359	RB93509	SP71-1406	CB49-260	IM76229
RB739735	RB935621	SP71-6163	CB49-15	RB037246
RB765418	RB935744	SP77-5181	RB925211	RB987931
RB825336	RB935788	SP79-1011	RB925345	H Kawan Dang 301
RB835054	RB937570	SP80-1816	RB92656	IN84-73
RB835486	RB946022	SP80-1842	NA56 76	Maneria
RB845197	RB947520	SP80-3280	RB975019	RB008336
RB845210	RB947625	SP80-1836	RB975138	RB037188
RB845257	RB955971	SP81-1763	RB037191	RB037176
RB855035	RB957610	SP81-3250	RB975286	Ganoa Cheni
RB855036	RB965902	SP83-2847	IAC86-2210	Chin
RB855113	RB965911	SP85-3877	IAC86-2480	RB037153
RB047157	RB966928	SP86-42	IAC87-3396	RB988150
RB855453	RB975198	SP87-365	RB047122	RB997501
RB855536	RB975932	SP91-1049	RB855046	RB037127
RB858927	RB975947	SP88-819	IM76/227	RB037113
RB865230	RB977512	RB037217	RB987934	
RB867515	RB985523	CB4176	Putrikhagee	
RB92579	RB037168	CB45-3	IJ76-293	

2.2 Coleta de Dados

2.2.1 Descritores Morfológicos

Para a análise dos Descritores Morfológicos foi utilizada a recomendação do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC, 1998), para descritores mínimos de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). A avaliação consistiu da análise visual de cada característica e da atribuição de um valor de acordo com a escala de notas. As avaliações foram realizadas aos 210 dias após o plantio na cana planta e aos 180 dias após o corte na cana soca, sendo considerados três colmos de cada parcela para cada característica avaliada. Os descritores analisados como caracteres qualitativos foram aqueles relacionados com cor, forma, tipo, presença/ausência e distribuição.

2.2.2 Caracteres biométricos

Em cada ciclo da cultura (cana planta e soca), foram realizadas duas colheitas, a primeira no mês de maio e a segunda no mês de novembro. Em cada colheita, foi feita a contagem geral do número de perfilhos (NP). Um colmo totalmente desenvolvido de cada parcela, nos três blocos, foi tomado ao acaso. Estes colmos, devidamente identificados separados das ponteiros foram levados ao laboratório para as análises.

No laboratório, primeiramente foi realizada a pesagem individual das ponteiros. Nos colmos foram realizadas as medidas do comprimento com auxílio de uma trena e as pesagens. Em seguida, foram retirados dois entrenós basais e dois medianos com seus respectivos nós. Para os entrenós foram realizadas medidas do comprimento com régua graduada, do diâmetro com paquímetro e a pesagem e, dos nós medianos, efetuou-se somente a pesagem. Após as avaliações, os entrenós basais, medianos e os nós foram acondicionados individualmente em sacos de papel e mantidos em estufa para secagem à temperatura de 70°C, onde permaneceram até atingir o peso constante, seguida de nova pesagem para obter os valores de peso seco.

Para a avaliação da característica tecnológica de produção foi utilizada a estimativa do teor de sólidos solúveis totais médio (Brix Médio) a partir do caldo extraído dos entrenós em diferentes regiões do colmo (base, mediana e ápice). Esta análise foi realizada por refratometria, utilizando o refratômetro portátil (RT-30 ATC, Instrutherm), e por meio das leituras foram obtidos os resultados expressos em graus Brix (g de sólidos solúveis totais em 100g de solução). A partir dos valores do Brix Médio, para cada genótipo efetuou-se a estimativa dos Sólidos Solúveis Totais por Hectare (Tonelada) por meio das seguintes expressões:

- Sólidos Solúveis Totais por Hectare (SSTH):

$$SSTH = TCaH \times \frac{\text{Brix Médio}}{100}$$

- Tonelada de Caldo por Hectare:

$$TCaH = \frac{TCaH}{(100 - \text{Brix Médio})} \times 100$$

- Tonelada de Água no Colmo por Hectare:

$$TCAH = \frac{\% AC}{100} \times TCH$$

- Porcentagem de Água no Colmo:

$$\% AC = \frac{MFE + MFN - MSE + MSN}{MFE + MFN} \times TCH$$

em que:

MFE e MSE: Massa Fresca e Seca de dois entrenós medianos

MFN e MSN: Massa Fresca e Seca de dois nós medianos

- Tonelada de Colmo por Hectare:

$$TCH = \frac{PC \times NP}{1,5 \times 100}$$

em que:

MC: Massa do colmo (em gramas) sem a ponteira

NP: Número de perfilhos na parcela

1,5: é o espaçamento entre linhas

2.2.3 Marcadores Moleculares

A fim de complementar as análises a partir dos caracteres morfológicos, foram utilizadas as informações obtidas por Fernandes et al. (2012), que estudaram a divergência genética dos mesmos genótipos de cana-de-açúcar avaliados nesta pesquisa, empregando marcadores moleculares (*EST-SSR*). A partir da matriz dos dados do polimorfismo gerado foi possível o isolamento dos grupos heteróticos usando a estatística multivariada e, por meio do complemento aritmético do coeficiente de Jaccard foi construído o dendrograma utilizando o método hierárquico do tipo UPGMA (agrupamento pareado não ponderado baseado na média aritmética).

2.3 Análise estatística

2.3.1 Divergência Genética com uso de caracteres morfológicos

A análise da divergência genética entre os 97 genótipos de cana-de-açúcar foi realizada por meio da análise multivariada, e seguiu a seguinte ordem: 1) Análise de Componentes Principais e descarte de caracteres invariantes; 2) Medidas de dissimilaridade usando as Distâncias Generalizada de Mahalanobis (D^2) e euclidiana; 3) Agrupamento dos indivíduos utilizando o método UPGMA (agrupamento pareado não ponderado baseado na média aritmética).

2.3.1.2 Componentes Principais

Os dados dos Descritores Morfológicos Quantitativos foram submetidos à análise de componentes principais para determinar a importância das diversas variáveis na variação conjunta dos genótipos. Foram descartadas variáveis redundantes ou pouco importantes utilizando o critério proposto por Pereira e Pereira (2004). De acordo com estes autores, pela expressão $\sigma^2_{xi} = \sum_j C^2_{ij} \lambda_j$ pode-se dizer que a variância de cada variável tem um componente, $C^2_{i1} \lambda_1$ no primeiro componente, $C^2_{i2} \lambda_2$ no segundo e, $C^2_{i3} \lambda_3$ no terceiro. As variáveis mais importantes nestes três primeiros componentes foram as que apresentaram maior $\sum_j C^2_{ij} \lambda_j$ e, conseqüentemente foram descartadas as de menor somatório. Pelas propriedades dos

componentes principais, a correlação de uma variável com um componente é $r_{ij} = c_{ij} \sqrt{\frac{\lambda_j}{\sigma_i}}$ ou

$r_{ij} = c_{ij} \sqrt{\lambda_j}$ se os dados forem estandardizados ($\sigma_i = 1$). Então $c^2_{ij} = \frac{r^2_{ij}}{\lambda_j}$, e a participação de cada componente na variância das variáveis serão coeficiente de determinação da variável i pelo componente j . Assim, as variáveis mais importantes para os três primeiros componentes foram as de maior soma $r^2_{i1} + r^2_{i2} + r^2_{i3}$, e as que apresentaram menor soma foram descartadas. As variáveis foram descartadas até que os primeiros componentes explicassem um mínimo de 70% da variação total.

2.3.1.3 Medidas de Dissimilaridade

A dissimilaridade genética foi estimada por meio de medidas de distância de Mahalanobis e euclidiana utilizando caracteres quantitativos e multicategóricos.

Os valores dos Descritores Morfológicos Quantitativos foram ordenados a partir da escala estabelecida pelo SNPC e analisados como variáveis quantitativas discretas (SNEATH; SOKAL, 1973). As características quantitativas (caracteres biométricos) foram analisadas a

partir das médias e da matriz de variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres. As estimativas das distâncias de Mahalanobis entre pares de genótipos foram obtidas a partir das variáveis transformadas por meio da seguinte expressão:

$$D_{ii'}^2 = \sum_j (z_{ij} - z_{i'j})^2$$

em que:

Z_{ij} : média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável com variância residual igual a 1.

Os dados dos Descritores Morfológicos Qualitativos e dos Marcadores Moleculares foram codificados para um sistema binário, de modo que as múltiplas categorias de uma variável foram representadas por diferentes colunas da matriz, utilizando valores iguais a 1 na coluna correspondente a ocorrência do determinado padrão e zeros nas demais. As dissimilaridades entre todos os pares de genótipos foram calculadas por meio das seguintes informações (CRUZ, 2006):

a_j : número de concordância do tipo 1-1 para a j -ésima variável;

b_j : número de discordância do tipo 1-0 para a j -ésima variável;

c_j : número de discordância do tipo 0-1 para a j -ésima variável.

Assim, o índice de dissimilaridade ($d_{ii'}$) foi obtido pela expressão:

$$d_{ii'} = \sum_{j=1}^v \frac{b_j + c_j}{a_j + b_j + c_j}$$

2.3.2 Método de Agrupamento

Com base nas distâncias estimadas, o agrupamento dos genótipos foi estabelecido de acordo com o método UPGMA (agrupamento pareado não ponderado baseado na média aritmética).

A determinação do número ótimo de grupos no dendrograma foi feita utilizando o Método de Mojena (1977). Neste método o número de grupos é selecionado no estágio j que corresponde ao primeiro estágio j (para $j=1,2,\dots,g-1$) satisfazendo $a_{j+1} > \theta_k$, onde a_{j+1} representa o valor do critério no estágio $j+1$; θ_k é o valor referencial de corte, expresso por $\theta_k = \bar{\alpha} + K\hat{\sigma}_\alpha$, em que $\bar{\alpha}$ e $\hat{\sigma}_\alpha$ são, respectivamente, as estimativas não viesadas da média e do desvio padrão da distribuição de a ; K é uma constante usada como regra de parada na definição do número de grupos. Adotando o sugerido por Milligan e Cooper (1985), o valor foi de 1,25.

As análises multivariadas foram realizadas utilizando o aplicativo genético-estatístico Genes versão 7.0 (CRUZ, 2009).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise de Componentes Principais

A análise de componentes principais (ACP) é uma técnica multivariada de grande utilidade nos estudos de diversidade genética, e que se fundamenta na geração de um novo conjunto de variáveis que são independentes entre si e estimadas de forma de reter o máximo de variação em ordem decrescente (CRUZ, 2005). A técnica de componentes principais foi empregada com a finalidade de resumir o número de caracteres por outro menor, além de avaliar a importância de cada caráter e promover a eliminação daqueles que contribuem pouco, em termos de variação, no grupo de indivíduos avaliados e, por último, permitir o agrupamento de indivíduos com o mais alto grau de similaridade, mediante exames visuais em dispersões gráficas dos escores dos CP de maior variação em um conjunto bi ou tridimensional.

Na primeira análise realizada foram avaliados treze Descritores Morfológicos Quantitativos e, de acordo com o resultado foi observado que para explicar 75,13% da variância total seriam necessários utilizar os sete primeiros componentes principais, o que tornaria impraticável a plotagem gráfica. Pereira et al. (1992) relataram que a natureza e o número de caracteres empregados na análise influenciam na distribuição da variância que pode estar concentrada nos primeiros componentes, apenas quando se avaliam poucos caracteres de interesse agrônômico ou de um mesmo grupo de material.

Quanto à variação total existente, em geral, é recomendável que pelo menos 70 a 75% desta esteja envolvida nos dois primeiros CP (MORRISON, 1976; CRUZ e REGAZZI, 1997). Quando não é possível atender a este requisito, a análise pode ser complementada pela dispersão gráfica em relação ao terceiro componente que deve absorver no mínimo 80% da variação, possibilitando a representação gráfica em planos tridimensionais (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Visando manter somente as variáveis que apresentem relevância na discriminação dos genótipos avaliados, procedeu-se com o descarte dos caracteres invariantes, que segundo Cruz e Regazzi (1994) são redundantes por estarem correlacionados com outros caracteres. Para isso, foi utilizado o critério proposto por Pereira e Pereira (2004), onde das treze variáveis originais foram feitos descartes uma a uma, refazendo a análise até que fosse obtido um conjunto de variáveis com maior concentração da variância nos três primeiros componentes principais. As sete variáveis (Descritores Morfológicos Quantitativos) descartadas em ordem de menor importância foram: Largura do Limbo, Comprimento do Palmito, Largura do Anel de Crescimento, Comprimento do Entrenó, Serrilhamento do Bordo Foliar, Hábito de Crescimento e Tonalidade da Copa Foliar.

Após o descarte, procedeu-se com a análise de componentes principais com os seis descritores restantes e, foi observado que 68,56% da variação total foi explicada pelos três primeiros componentes principais (Tabela 17). Silva (2006) trabalhando com genótipos de cana-de-açúcar utilizando a técnica de componentes principais relatou que, somente com os dois primeiros componentes principais, a variação total acumulada em torno de 69,43% não seria suficiente para satisfazer os critérios para inferências em divergência genética. Entretanto, no presente estudo, este valor foi assumido visto que a cada análise, a variância acumulada (autovalores) nos três primeiros CP pouco aumentava e, caso ainda procedesse com o descarte até atingir o valor mínimo de 0,70 acumulado nos três primeiros CP, seriam utilizados apenas cinco descritores, o que levaria a um descarte drástico de descritores mínimos importantes para caracterização de cultivares estabelecido pelo SNPC do Ministério da Agricultura.

Os coeficientes de ponderação associados aos caracteres (Autovetores das variáveis) indicaram que o primeiro componente apresentou como descritor morfológico de maior importância a variável, Largura da Zona Radicular (0,643), seguido do Tamanho da Aurícula (0,516). No segundo componente, os maiores descritores em valor absoluto foram Intensidade de Perfilamento (0,661) e Volume da Copa Foliar (0,505). No terceiro componente, os descritores de maior peso foram Tipo de Despalha (0,680) e Tamanho da Aurícula. Entre diversas características favoráveis que uma variedade de cana-de-açúcar deve reunir, o tipo de despalha é um caráter importante a ser selecionado (Dinardo-Miranda et al., 2010). O aproveitamento da palha como fonte de energia na usina resultará em significativos ganhos energéticos para o setor. Além disso, com a eliminação gradativa da prática da queima previamente à colheita manual, a palhada deixada na superfície do solo pode representar num aporte de biomassa depositado no solo, favorecendo mudanças na qualidade física, química e biológica (BENEDETTI, 2014).

A característica que menos contribuiu para o estudo da divergência por componentes principais foi Diâmetro do Entrenó, por apresentar maiores valores absolutos entre as características para o autovetor quatro, podendo ser descartada, sem causar prejuízo no presente estudo, pois a divergência genética pode ser explicada por outros caracteres (Tabela 17).

Tabela 17. Estimativa das variâncias (autovalor λ_i) associadas aos componentes principais, variância acumulada (%) e autovetores referentes a seis descritores morfológicos quantitativos avaliados em 97 genótipos de cana-de-açúcar.

Componente Principal	λ_i	Variância acumulada (%)	Autovetores das variáveis					
			TD	IP	DE	LZR	VCF	TAMA
CP ₁	1,60883	26,81	-0,1516	0,1350	0,4454	0,643	0,2839	0,5162
CP ₂	1,41529	50,40	0,3721	0,6607	-0,4098	0,037	0,5046	-0,0335
CP ₃	1,08955	68,56	0,6800	-0,1791	-0,2290	0,1494	-0,4309	0,4951
CP ₄	0,70703	80,35	0,5782	0,0477	0,6595	0,046	0,0119	-0,4756
CP ₅	0,64253	91,05	0,2043	-0,6308	-0,0154	-0,2405	0,6909	0,1578
CP ₆	0,53677	100	-0,0066	0,3361	0,3822	-0,7092	-0,0406	0,4861

TD= Tipo de Despalha; IP= Intensidade de Perfilamento; DE= Diâmetro do Entrenó; LZR= Largura da Zona Radicular; VCF= Volume da Copa Foliar; TAMA= Tamanho da Aurícula.

O emprego da técnica de componentes principais foi importante neste estudo, visto que, possibilitou a identificação de caracteres que realmente mostram-se importantes para descrição dos genótipos. Dessa forma, os caracteres que apresentam contribuição no estudo da variabilidade podem ser utilizados visando à orientação dos genótipos mais contrastantes em futuros cruzamentos. Além disso, devido à possibilidade de dispensar aqueles caracteres redundantes, a utilização da técnica nestes estudos permite reduzir a mão-de-obra, tempo e custos despendidos nas avaliações.

3.2 Dissimilaridade genética

3.2.1 Descritores Morfológicos Quantitativos

A partir dos escores obtidos na análise dos componentes principais foi possível visualizar por meio da análise gráfica a dispersão dos genótipos em relação aos três primeiros componentes principais, sendo os indivíduos mais divergentes aqueles que estão mais dispersos dentro do gráfico (Figura 3). Pode ser observada a formação de um grande grupo de genótipos que se apresentaram mais concentrados e alguns sobrepostos na dispersão, o que dificulta a sua identificação. Os genótipos IJ76 293 (*S. robustum*) e IN84-73 (*Erianthus*), referentes aos pontos de número 80 e 86, formaram um grupo destacando-se do grupo maior. Outros genótipos como o RB937570, RB965911, RB975198, SP87-365, CB49-15, RB925211, IM76/227, White Pararia, IM76-229 e o RB008344 (pontos 26, 33, 35, 55, 63, 64, 77, 81, 82 e 84), apresentaram-se isolados do grupo maior, indicando que sejam mais distintos.

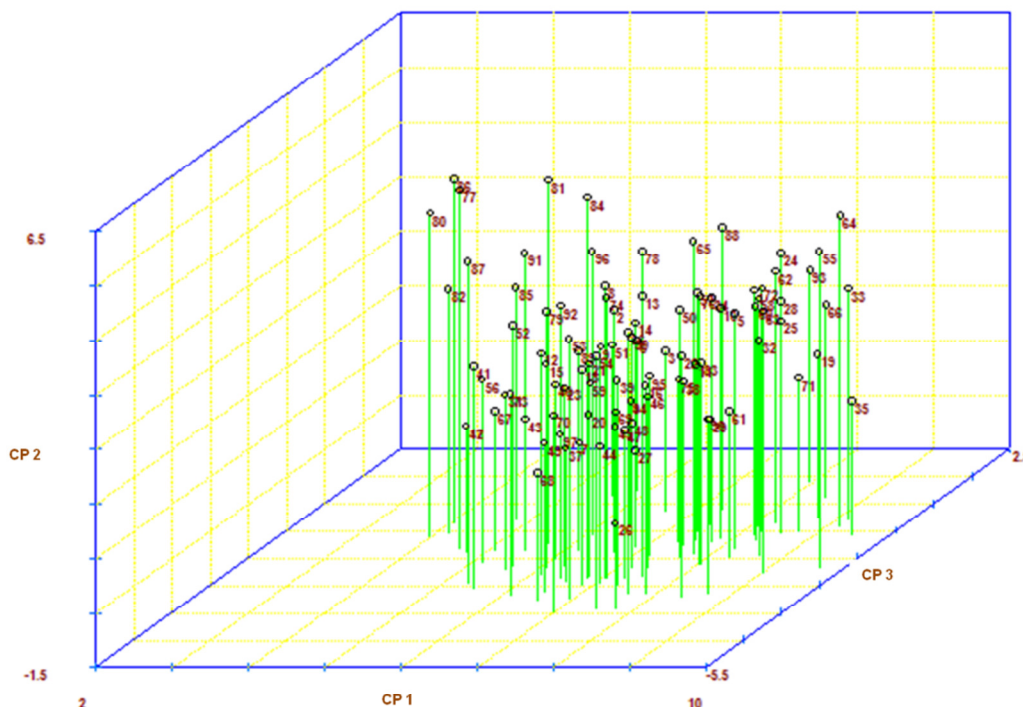


Figura 3. Gráfico 3D dos escores em relação aos três primeiros Componentes Principais de seis Descritores Morfológicos Quantitativos: Tipo de Despalha (TD), Intensidade de Perfilhamento (IP), Diâmetro do Entrenó (DE), Largura da Zona radicular (LZR), Volume da Copa Foliar (VCF) e Tamanho da Aurícula (TAMA) de 97 genótipos de cana-de-açúcar.

Com base nos seis Descritores Morfológicos Quantitativos avaliados, e utilizando-se os escores obtidos na análise por componentes principais, realizou-se o agrupamento pelo método hierárquico de UPGMA (Figura 4).

O dendrograma mostra que de acordo com o critério sugerido por Mojena (1977), adotando-se a altura de corte no primeiro estágio em que $a_{j+1} > \theta_k$, o número de grupos a serem formados deve ser igual a sete (ANEXO AC). Dessa forma, o primeiro grupo será formado pelos genótipos H Kawan Dang 301, Chin, IM76227, Ganoa Cheni, IN84-73, IJ76-293 e IM76/229. Os genótipos H Kawan Dang 301 e IN84-73 possuem como genitor feminino comum espécie do gênero *Erianthus*, o que pode ter contribuído para que estivessem presentes no mesmo grupo.

O segundo grupo foi composto pelos genótipos SP86-42, RB037188 e Putrikhage. O terceiro e o quarto grupos foram formados somente pelos genótipos SP80-1842 e RB985523, respectivamente. O quinto grupo foi formado pelos genótipos SP85-3877, CB49-260, SP81-3250, CB47-335, RB928064, Maneria, RB93509 e SP91-1049. No sexto grupo somente foi observado o genótipo RB047122 e o sétimo grupo foi composto por todos os demais genótipos.

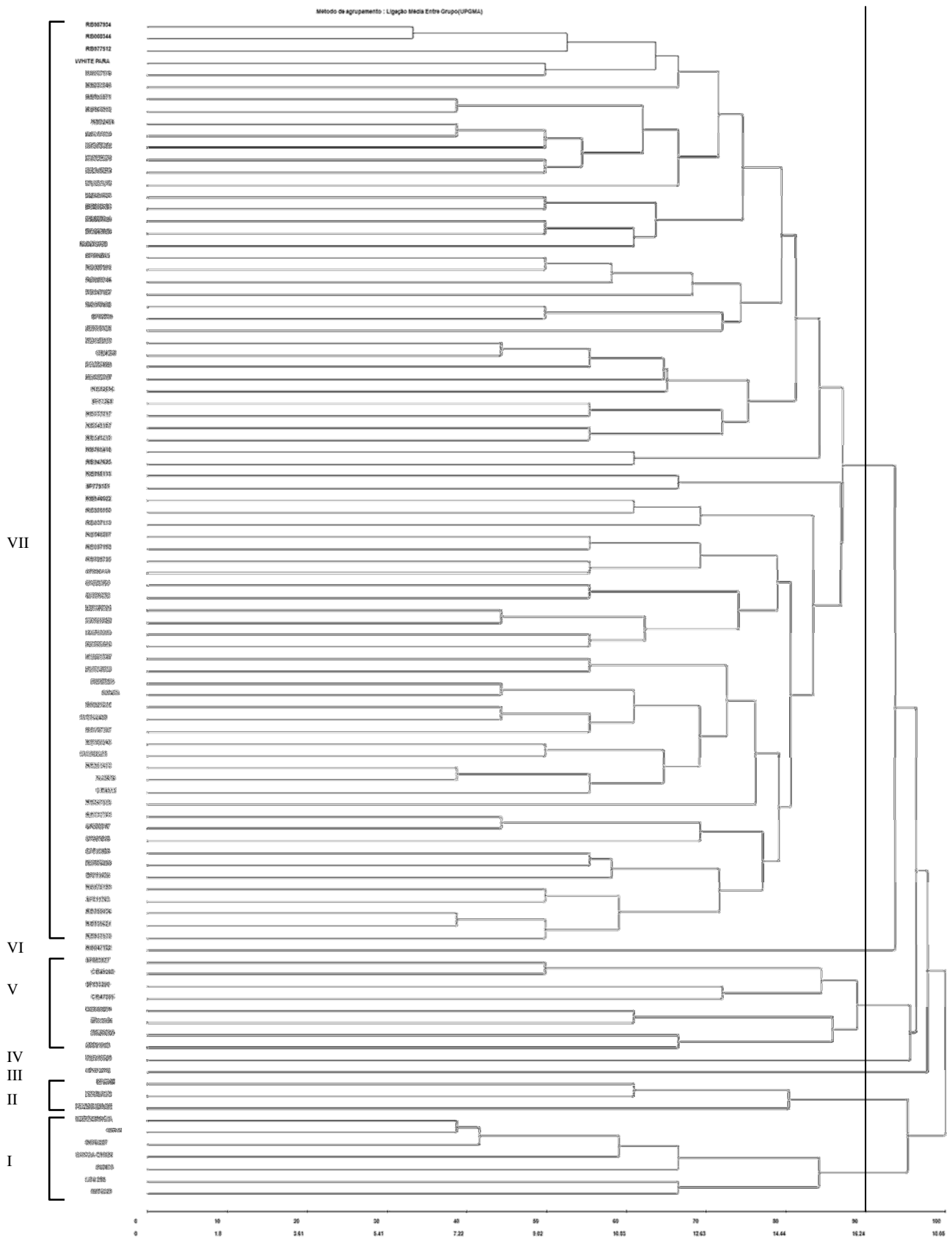


Figura 4. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base nos descritores morfológicos quantitativos, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), com base na distância euclidiana, para 97 genótipos de cana-de-açúcar.

3.2.2 Caracteres Biométricos

Para o cálculo da dissimilaridade foi utilizada a distância de Mahalanobis (D^2) com os valores médios referentes a nove caracteres biométricos de 71 genótipos de cana-de-açúcar, a saber: Peso do Colmo (PC), Peso da Ponteira (PP), Peso Fresco e Seco de dois Entrenós Medianos (PFE e PSE), Peso Fresco e Seco de dois Nós Medianos (PFN e PSN), Brix Médio (BM), Número de Perfilhos (NP) e estimativa da tonelada de Sólidos Solúveis Totais por hectare (SSTH).

O máximo valor de divergência genética estimado pela distância generalizada de Mahalanobis foi de $D^2 = 183,54$ entre os genótipos RB037176 (clone) e IM76-229 (*Saccharum robustum*) rústica, o que pode ter contribuído para a maior dissimilaridade existente entre eles. A menor distância $D^2 = 1,87$ foi observada entre os genótipos RB037188 (clone) e RB825336 (variedade melhorada). No trabalho de Silva et al. (2011) foi observada alta divergência genética entre clones e variedades padrão, indicando que estes materiais merecem atenção quando objetiva-se a seleção e posterior hibridação visando alcançar efeitos heteróticos satisfatórios nos cruzamentos.

Em estudos de divergência genética, além da divergência entre os potenciais genitores a ser utilizados em cruzamentos visando obter progênies superiores, é fundamental considerar o mérito individual para as características que se tem interesse em melhorar (CRUZ et al., 1994). Com base no critério proposto por Singh (1981) entre os caracteres biométricos utilizados no estudo da divergência genética, em ordem decrescente, os que mais contribuíram para a avaliação da dissimilaridade entre os genótipos foram: Peso Fresco dos Entrenós Medianos (24,1%), Brix Médio (19,5%), SSTH (18,0%), Número de perfilhos (12,4%) e Peso de colmos (10,3%) (Tabela 18). Assim, esses caracteres contribuíram com 84,3% da distribuição total, sendo considerados, portanto, importantes para este estudo. Estes resultados corroboram com os observados por Silva et al. (2005) onde entre os caracteres avaliados os que mais contribuíram para divergência genética foram número de colmos por parcela, teor de Brix (%) e produção de açúcar por parcela.

Tabela 18. Contribuição relativa de nove caracteres biométricos para a divergência genética em 71 genótipos de cana-de-açúcar e parâmetros genéticos.

Característica	s.j	s.j(%)	Herdabilidade (h ² m)	CVg	CVg/CVe
PFE	21569,0	24,1	0,84	21,3	1,34
BM	17487,7	19,5	0,88	11,9	1,55
SSTH	16113,9	18,0	0,7	25,4	0,88
NP	11155,8	12,4	0,8	22,6	1,15
PC	9201,6	10,3	0,79	18,35	1,12
PP	6210,9	6,9	0,74	12,3	0,96
PSE	5029,8	5,6	0,80	20,4	1,15
PFN	1477,7	1,6	0,75	17,5	1,01
PSN	1398,6	1,6	0,75	17,3	1,00

S.j= Contribuição da variável x para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i', CVg= coeficiente de variação genética, CVe= coeficiente de variação ambiental. PC= Peso do Colmo; PP= Peso da Ponteira, PFE= Peso Fresco de dois entrenós medianos; PFN= Peso Fresco de dois nós medianos; PSE= Peso Seco de dois entrenós medianos; PSN= Peso Seco de dois nós medianos; BM= Brix Médio; NP= Número de Perfilhos; SSTH= Tonelada de Sólidos Solúveis Totais por Hectare.

A análise de agrupamento utilizando o método UPGMA baseado na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) gerou o dendrograma apresentado na Figura 5. Utilizando o critério de Mojena (1977) foram formados doze grupos. O primeiro e o segundo grupos foram formados apenas pelos materiais rústicos Maneria e White Pararia, respectivamente. O terceiro grupo foi formado pelos genótipos IM76229, IN84-73 e RB008344. No grupo 4 foram agrupados os genótipos IM76-227 e IJ76-293. Os grupos 5, 6 e 7 apresentaram somente os genótipos SP88-819, CB49-15 e CB47-355, respectivamente. No grupo 8 agruparam os genótipos RB855453 e RB975019. O nono foi formado pelos genótipos RB835486, RB 975932, RB935788, CB4176, RB037176, RB845197, RB93509, RB928064, RB947520, RB92656, RB935744, RB047157, RB845210, RB855036, RB987934, SP80-1836, RB855046 e RB867515. O décimo grupo foi formado pelos genótipos RB977138 e IAC87-3396. No grupo onze agruparam-se CB49-260, RB037246, RB825336, RB037188, SP86-42, RB037127, RB987649, H Kawan Dang 301, RB845257 e SP87-365. O grupo doze foi o maior e foi constituído pelos genótipos restantes. De acordo com Gomes Filho et al. (2010), grupos constituídos por grande número de acessos reúnem pares que apresentam menores distâncias, uma vez que o tamanho do grupo é delimitado por uma distância média entre os pares de indivíduos.

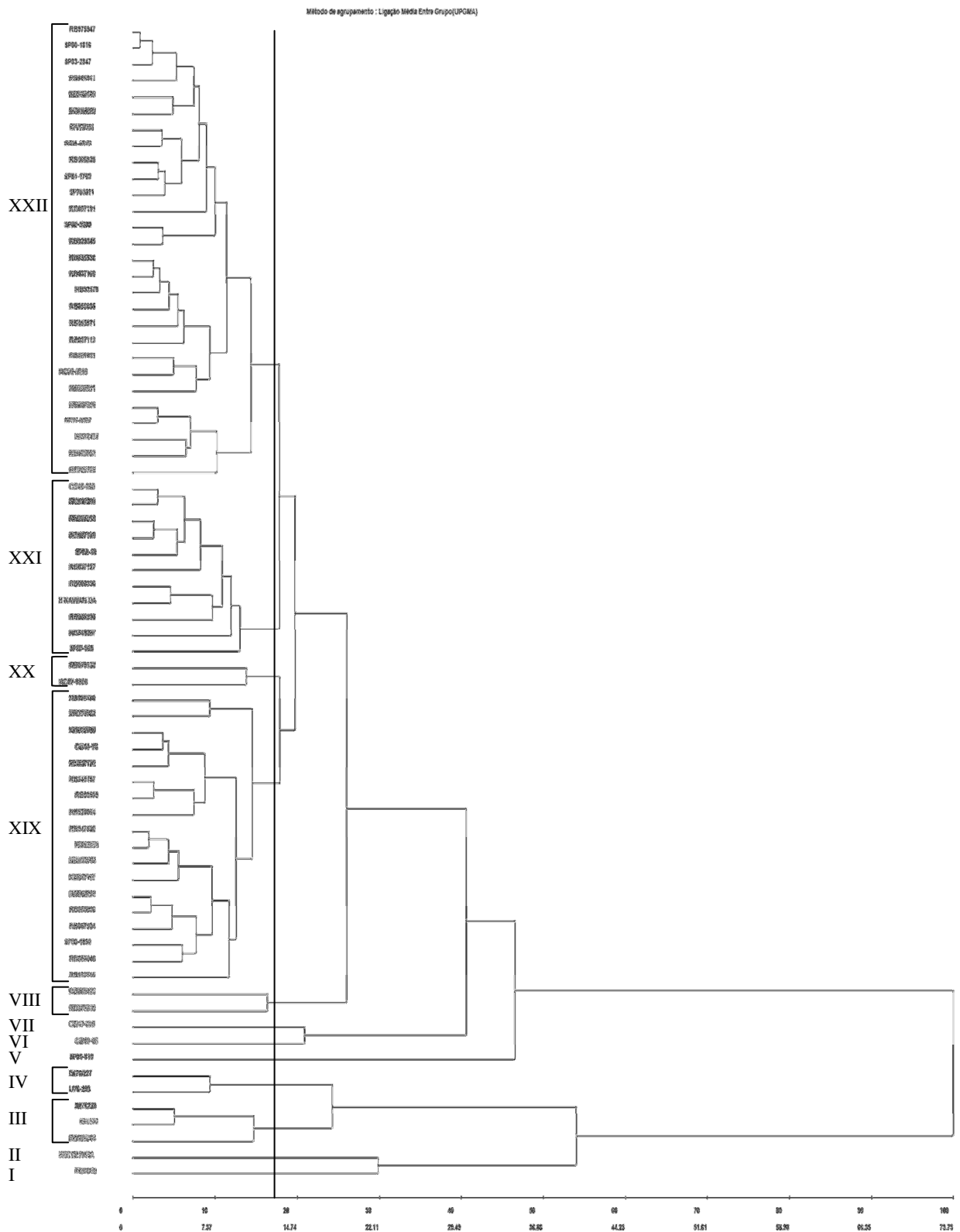


Figura 5. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base em caracteres biométricos, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA), com base na distância de Mahalanobis (D^2), para 71 genótipos de cana-de-açúcar.

3.2.3 Descritores Morfológicos Qualitativos

Para a análise de agrupamento dos genótipos baseada nos Descritores Morfológicos Qualitativos foi construído o dendrograma utilizando o método hierárquico ligação média entre grupos (UPGMA) e o ponto de corte foi definido de acordo com o critério de Mojena (1977). Este método permitiu o estabelecimento de quinze grupos variando de três a dez genótipos mais similares em cada (Figura 6). Este resultado revela a similaridade entre os genótipos dentro de um mesmo grupo devido ao agrupamento destes pelas características que apresentam em comum e a existência de variabilidade genética entre os grupos o que pode ser verificado pelas diferenças morfológicas observadas na estrutura da parte aérea, como nos entrenós, gemas e folhas dos 97 genótipos de cana-de-açúcar estudados.

Quando se objetiva obter informações sobre divergência genética visando a cruzamento de materiais contrastantes em programas de melhoramento, o emprego dos métodos de aglomeração são bastante importantes pois baseiam-se critérios que permitem o estabelecimento de grupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ, 2001).

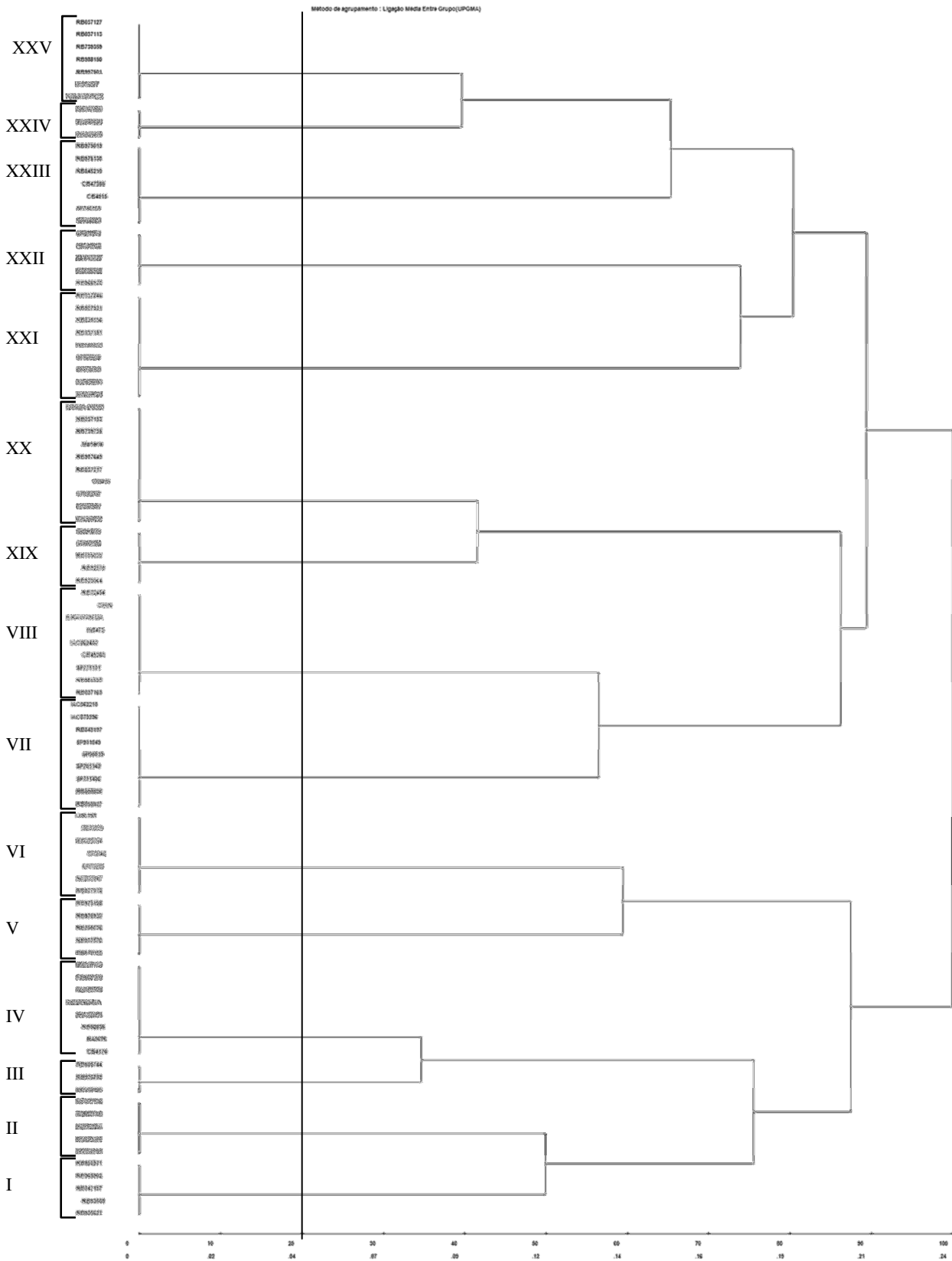


Figura 6. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base em Descritores Morfológicos Qualitativos, estabelecido pelo método das ligações médias (UPGMA) para 97 genótipos de cana-de-açúcar.

3.2.4 Marcadores Moleculares (*EST-SSR*)

A aplicação de marcadores baseados em locos funcionais foram altamente polimórficos e detectaram alelos múltiplos, sendo bons discriminantes genotípicos para populações melhoradas e úteis para estratégias de estudos de dissimilaridade genética e mapeamento associativo. O polimorfismo detectado nos genes alvos discriminou os genótipos e possibilitou a formação de cinco distintos grupos com divergência genotípica relativa de aproximadamente 80% entre si (Figura 7).

Em geral, os genótipos inseridos no mesmo grupo apresentam similaridade devido à sua origem em comum considerando os seus genitores (Anexo AE). Como exemplo, pode ser citado o agrupamento entre os genótipos IM76/227, H Kwan Dang 301 e IN84-76 que possuem como genitor feminino comum espécie do gênero *Erianthus*.

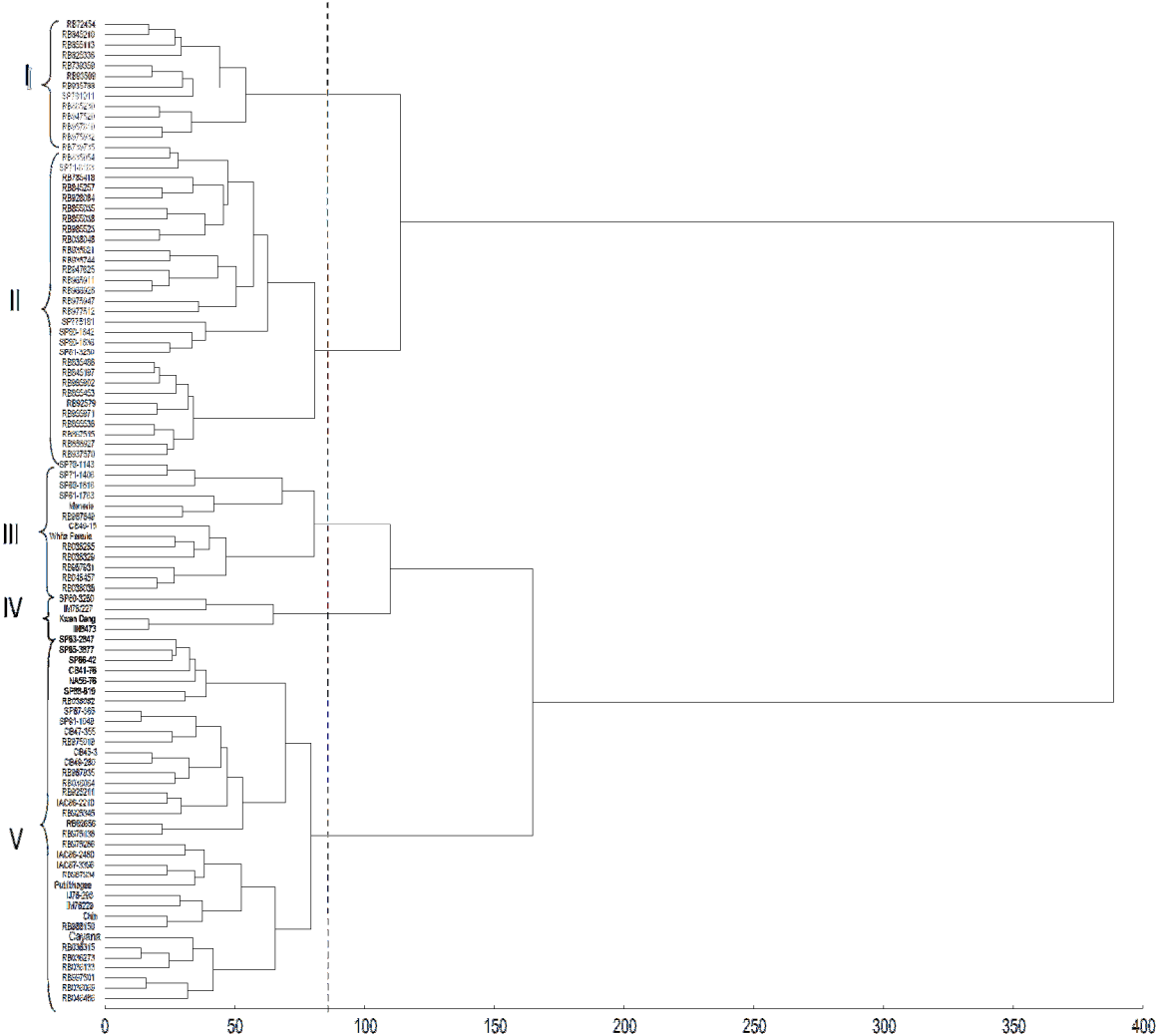


Figura 7. Dendrograma para o padrão de dissimilaridade genética estabelecida pelo método UPGMA, com base nos coeficientes de Jaccard, em cluster hierarquizado para 96 genótipos de cana-de-açúcar. Fonte: Fernandes et al. (2012).

A determinação da divergência genética entre os genótipos é fundamental quando se deseja identificar combinações promissoras de maior efeito heterótico nos cruzamentos, a fim de se elevar o potencial genético dessas combinações, especialmente para caracteres de importância para a indústria, como o teor de açúcar no colmo.

Neste estudo, foi realizada a análise dos genótipos separando-os pela característica de interesse industrial, Sólidos Solúveis Totais em toneladas por Hectare (SSTH), e foi observado que de acordo com os diferentes tipos de marcadores empregados (Descritores Morfológicos Quantitativos e Qualitativos, Caracteres Biométricos e Marcadores Moleculares) não existe um padrão de agrupamento, ou seja, os genótipos estão distribuídos aleatoriamente entre os grupos num tipo de marcador ou agrupados em um determinado grupo em outro.

Para realizar esta análise, os genótipos foram classificados com base na estimativa do teor de Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare, sendo considerados genótipos superiores aqueles que apresentaram valores médios de SSTH acima de 18,8 (Média Geral + Desvio Padrão) e inferiores, os que apresentaram valores médios abaixo de 10,1 (Média Geral - Desvio Padrão) (Anexo AB).

O dendrograma construído com base nos descritores morfológicos quantitativos (Figura 4) mostra que oito dos nove materiais classificados como superiores (RB72454, RB865230, RB855046, IAC87-3396, SP88-819, RB975932, RB965911, RB925345) foram agrupados no grupo sete. O genótipo SP853877 também classificado como superior foi agrupado no grupo cinco. Quanto aos genótipos classificados como inferiores considerando os valores médios de SSTH, estes foram distribuídos entre os grupos sete (RB947520, RB037168, RB855035 e RB835486), cinco (Maneria) e um (IM76-227, IN84-73, IJ76-293 e IM76/229). O agrupamento dos genótipos IM76-227 e IN84-73 no mesmo grupo indica que estes materiais possuem grande similaridade genética, o que pode ser devido ao fato de possuírem em comum, o genitor feminino da espécie do gênero *Erianthus*.

Os caracteres biométricos permitiram uma distribuição mais uniforme dos materiais entre os grupos (Figura 5). O grupo doze agrupou os genótipos superiores com maiores valores médios em termos de SSTH, que foram: RB925345, SP853877, RB72454, RB965911. Os demais materiais superiores foram distribuídos nos seguintes grupos: RB865230 (grupo onze), IAC87-3396 (grupo dez), RB855046, RB975932 (grupo nove) e SP88-819 (grupo cinco). Já os genótipos classificados como inferiores apresentaram a seguinte distribuição entre os grupos: RB855035 e RB037168 (grupo doze), RB835486 e RB947520 (grupo nove), IM76-227 e IJ76-293 (grupo quatro), IM76-229 e IN84-73 (grupo três) e Maneria (grupo um).

Considerando os descritores qualitativos, também foi observada uma distribuição uniforme destes genótipos no dendrograma (Figura 6). O genótipo RB965911 agrupou com os materiais que constituíram o grupo doze. Nos grupos onze e dez foram observados os genótipos RB865230 e RB853877, respectivamente. O genótipo RB72454 foi agrupado com outros materiais similares no grupo oito. No grupo sete agruparam os genótipos IAC87-3396 e SP88-819 e, no quinto grupo, o genótipo RB975932. No grupo dois foram observados os genótipos RB925345 e RB855046. Os genótipos menos produtivos em termos de SSTH também apresentaram distribuição uniforme entre os grupos, sendo apresentados da seguinte forma: RB835486 (grupo dois), IM76-229 e IJ76-293 (grupo seis), IN84-73 e RB037168 (grupo oito), RB855035 (grupo nove), Maneria (grupo dez), RB947520 (grupo catorze) e IM76-227 (grupo quinze).

O dendrograma construído a partir de marcadores moleculares (*EST-SSR*) (Figura 7), também mostra que nos cinco grupos formados, houve uma distribuição uniforme entre os genótipos superiores e inferiores em termos de SSTH. Nesta análise não foi incluído o genótipo superior RB855046. Os genótipos superiores apresentaram a seguinte distribuição:

Grupo 1 (RB865230, RB975932 e RB72454), grupo 2 (RB965911), grupo 5 (RB925345, SP85-3877, IAC873-396 e, SP88-819). Entre os genótipos com menor produtividade em SSTH, o grupo 1 apresentou o genótipo RB947520 e, o grupo 2 agrupou entre os demais genótipos similares, os genótipos RB855035 e RB835486 que possuem como genitor feminino comum o genótipo L60-14. No grupo 3 foi observado o genótipo Maneria e, no grupo 4, os genótipos IM76-227 e IN84-73 apareceram agrupados, assim como no agrupamento com descritores morfológicos quantitativos, provavelmente devido ao fato de possuírem como genitor feminino comum espécie do gênero *Erianthus*. No grupo cinco agruparam os genótipos IM76-229 e IJ76-293. Estes dois últimos também foram inseridos nos mesmos grupos nos dendrogramas gerados a partir dos descritores morfológicos quantitativos e qualitativos, indicando concordância entre os tipos de marcadores na discriminação da divergência genética entre estes materiais.

Nota-se que utilizando os Caracteres Biométricos, os Descritores Morfológicos Qualitativos e Marcadores Moleculares, os materiais classificados como superiores em termos de SSTH distribuem-se de forma mais homogênea entre os grupos formados nos dendrogramas. Este padrão é desejável quando o objetivo do estudo é identificar materiais superiores em termos de produtividade e contrastantes, os quais irão participar de futuros cruzamentos, visto que, além de serem divergentes, se estes genótipos apresentarem características de interesse para a indústria, como é o caso do teor de sacarose nos colmos, a possibilidade de serem obtidos nos cruzamentos, materiais com combinações genéticas favoráveis é muito grande.

Comparado aos outros agrupamentos com caracteres morfológicos, o agrupamento com base nos Descritores Morfológicos Quantitativos foi o que apresentou o menor número de grupos (Figura 4). Além disso, a maioria dos genótipos permaneceu no mesmo grupo (grupo 7), enquanto um menor número de genótipos foram distribuídos formando os demais grupos, o que poderia indicar baixa divergência entre estes materiais. Vale ressaltar que, no presente trabalho, os genótipos estudados são materiais oriundos de banco de germoplasma, sendo, portanto, composto por variedades melhoradas, clones e materiais rústicos. No entanto, este tipo de padrão de agrupamento é característico de estudos utilizando clones da mesma série, conforme foi observado por Silva et al. (2005) ou de irmãos germanos, no trabalho de Lopes et al. (2014). Ainda segundo estes últimos autores, o número de caracteres utilizados no estudo da divergência pode influenciar na precisão dos resultados, contribuindo mais ou menos na discriminação da divergência, bem como devem ser incluídos na análise caracteres de importância para a cultura da cana-de-açúcar. De acordo com Silva et al. (2001) a divergência entre acessos retrata somente a variabilidade existente nas características avaliadas para sua estimação, não permitindo extrapolações para outros caracteres.

No presente estudo, os diferentes tipos de marcadores empregados possibilitaram a identificação da divergência genética entre os genótipos de cana-de-açúcar e, apresentaram uma relevante consistência em agrupar os indivíduos mais similares, ou seja, alguns dos genótipos estiveram presentes no mesmo grupo nos agrupamentos com diferentes marcadores conforme pode ser observado nas Figuras 5, 6 e 7 e Tabela 19. Dias e Kageyama (1991), relataram que a quantificação da diversidade entre acessos, realizada por meio de caracteres morfológicos, só terá significado se a divergência fenotípica refletir a divergência genética. O que corrobora com os resultados observados, visto que os marcadores moleculares e os caracteres morfológicos foram efetivos na quantificação da variabilidade entre os genótipos.

Tabela 19. Genótipos de cana-de-açúcar que permaneceram no mesmo grupo nos agrupamentos com base nos Descritores Morfológicos Qualitativos (DMQL) e Quantitativos (DMQT), Caracteres Biométricos (CB) e Marcadores Moleculares *EST-SSR* (MM).

	Tipo de Descritor				Genótipos que permaneceram no mesmo grupo		
	DMQT	CB	DMQL	MM			
Grupos	VII	XIX	IV	V	CB41-76	RB92656	
	VII	XIX	XXI	II	RB867515	SP80-1836	
	VII	XXII	I	II	RB935621	RB955971	RB965902
	VII	XXII	II	V	RB925211	RB925345	
	VII	XXII	XIX	II	RB855035	RB92579	
	VII	XXII	XXII	II	RB965911	RB966928	

O ideal é que os caracteres empregados no estudo da divergência genética possuam menor resposta às condições ambientais, o que poderia levar a resultados não confiáveis. Além disso, de acordo com Silva (2001), estes devem ser caracteres de importância para o melhoramento genético, uma vez que são eles que determinam se um genótipo se tornará uma variedade ou não. Outro ponto relevante além da divergência é a identificação dos materiais 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. Os resultados encontrados no presente trabalho confirmaram a eficiência dos marcadores empregados no estudo da divergência e, entre os grupos formados nos diferentes agrupamentos, foi possível identificar os materiais contrastantes e produtivos em termos de SSTH.

CONCLUSÕES

1. Os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos de cana-de-açúcar estudados foram os baseados em Descritores Morfológicos Qualitativos e os Caracteres Biométricos;
2. Os métodos multivariados permitiram identificar genótipos contrastantes, contribuindo com informações sobre a divergência genética e identificação dos genótipos mais produtivos para sua utilização em programas de melhoramento da cana-de-açúcar.
3. A diversidade genética entre os genótipos de cana-de-açúcar pode ser estimada a partir de diferentes caracteres morfológicos e a dissimilaridade está relacionada à variabilidade existente entre os caracteres empregados.

CAPÍTULO III

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA EM ÍNDICES

RESUMO

Neste estudo objetivou-se avaliar a eficiência do uso de índices visando alcançar a melhor estratégia para obter ganhos na seleção de genótipos de cana-de-açúcar com maiores teores de sólidos solúveis totais por hectare. Foram avaliados 69 genótipos de cana-de-açúcar cultivados na Estação experimental da Embrapa-Agrobiologia, no município de Seropédica, RJ, durante os anos de 2010 a 2013, sendo realizados dois cortes nos ciclos de cana planta e cana soca. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Para a construção dos índices foram utilizados os caracteres: Comprimento do Colmo (CC), Massa do Colmo (MC), Brix Médio (BM), Número de Perfilhos (NP), considerando os dois cortes e os dois ciclos. A análise da resposta correlacionada foi realizada com base na resposta pela seleção obtida de forma indireta, com os índices, e na seleção direta, com o caráter Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare (SSTH). As características que apresentaram maior importância na construção dos índices foram BM e NP, com os maiores coeficientes. A alta correlação positiva entre o índice, estimado no ciclo da cana planta, e o caráter SSTH, bem como o maior valor da estimativa da resposta correlacionada na avaliação em cana planta, indicaram que a seleção com base nos índices constitui-se em uma ferramenta auxiliar no processo de seleção. De acordo com os resultados obtidos, conclui-se que a seleção indireta com o uso dos índices demonstrou respostas correlacionadas variáveis para o caráter SSTH. O ganho desejado para o caráter de interesse foi obtido em apenas um ciclo de cultivo, com dois cortes, o que pode possibilitar uma economia de tempo e maior facilidade na seleção para a característica SSTH. A estratégia de seleção baseada no índice de seleção indireta possibilitou, para a região estudada, a identificação dos genótipos SP85-3877, RB855046, RB975138, RB935744, SP88-819, RB865230 e RB037188, como os mais promissores a serem utilizados em cruzamentos futuros nos programas de melhoramento vegetal.

Palavras-chave: Resposta correlacionada, Seleção indireta, Cana-de-açúcar.

ABSTRACT

This study aimed to evaluate the efficiency of the use of indexes in order to reach the best strategy to make gains in the selection of sugar cane genotypes with higher values of total soluble solids per hectare. It was evaluated 69 genotypes of sugar cane grown at EMBRAPA-AGROBIOLOGY experimental station in the municipality of Seropédica, RJ during the years 2010 to 2013, and made two cuts in the cycles of plant cane and ratoon cane. The experimental design was a randomized block design with three repetitions. For the construction of indexes, the characters used were: Culm length, Culm weight, Mean Brix, Number of Tillers, considering the two harvest and two cycles. The analysis of correlated response was based on the response obtained by the indirect selection with the indices, and by the direct selection with the character of Total Soluble Solids per hectare (SSTH). The more important traits to indices construction were BM and NP, which presented high coefficients. The high positive correlation between the index, estimated in plant cane cycle, and SSTH character, as well as the highest value of the estimate of the correlated response in the evaluation of plant cane, indicated that selection based on the indices constitutes a tool to assist in the selection process. According to the results, we concluded that indirect selection using indices showed variable correlated responses to SSTH character. Desired gain for the character of interest was obtained in a single growing cycle, with two cuts, which may enable time savings and greater ease of selection for the SSTH trait. The selection strategy based on index indirect selection allowed, for this study, the identification of genotypes SP85-3877, RB855046, RB975138, RB935744, SP88-819, RB865230 and RB037188, as the most promising to be used in future crosses in sugarcane improvement programs.

Keywords: Correlated response, indirect selection, sugarcane.

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma das culturas de maior importância socioeconômica no Brasil, por gerar empregos diretos e indiretos, e por ser a matéria prima para a produção de açúcar e álcool. A crescente demanda por produtos do setor sucroalcooleiro tem levado a uma expansão das tradicionais regiões produtoras para outros polos, além de uma busca constante para a obtenção de novos materiais com melhor potencial. Neste sentido, o desenvolvimento de novas variedades é dependente do melhoramento genético.

No melhoramento genético da cana-de-açúcar a estratégia utilizada nas fases iniciais de seleção constitui uma das etapas mais importantes para a obtenção de novas variedades que reúnam alto rendimento e outros caracteres desejáveis pelos agricultores.

Caracteres relacionados com a produção como massa de colmos, número de perfilhos e açúcar por hectare são variáveis de maior relevância nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar e, frequentemente utilizados para a avaliação do desempenho de clones promissores. A seleção baseada em apenas um ou poucos caracteres pode conduzir ao desenvolvimento de tipos economicamente satisfatórios apenas para a característica em avaliação, além disso, podem existir correlações negativas entre os caracteres de interesse que não estão sendo consideradas, o que atrasa o processo de seleção diminuindo o ganho genético.

O índice de seleção é uma estratégia utilizada pelos melhoristas visando contornar este tipo de inconveniente e que possibilita reunir, simultaneamente, em uma mesma variedade vários fenótipos favoráveis trazendo economia nos custos de produção. Trata-se de uma técnica na qual a seleção é realizada em um caráter adicional que é na realidade, a combinação de várias características que reúnam vários atributos de interesse, possibilitando ganhos favoráveis (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Em diversos estudos de seleção com espécies vegetais e animais são empregados os índices de seleção propostos na literatura (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; WILLIAMS, 1962; MULAMBA e MOCK, 1978) e, em muitos desses trabalhos, os critérios de seleção utilizados são comparados visando verificar a sua eficiência na seleção de genótipos. De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2004) em algumas situações existe a dificuldade de se estabelecer pesos econômicos para os caracteres estudados, o que pode limitar o uso dos índices de seleção. Falconer e Mackay (1996) mostraram uma maneira de se obter o índice sem a necessidade de ter conhecimento prévio do peso econômico. Neste método os valores econômicos que são imputados aos indivíduos são obtidos a partir do valor fenotípico do mérito (caráter a ser melhorado), sendo necessárias, as estimativas das variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas obtidas das avaliações dos genótipos.

O objetivo deste estudo foi avaliar a eficiência do uso de índices visando alcançar a melhor estratégia para obter ganhos na seleção de genótipos de cana-de-açúcar com maiores teores de sólidos solúveis totais por hectare.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização, condução do experimento e material vegetal

Os acessos de cana-de-açúcar foram cultivados na Estação experimental da Embrapa-Agrobiologia, no município de Seropédica, RJ, (22° 44' S e 43° 40' W, a 28 metros de altitude). Segundo a classificação climática de Köppen, a região é do tipo Aw, clima tropical, com chuvas no verão, concentradas entre novembro e março (CRUZ, 2005).

As parcelas experimentais foram compostas por três touceiras em covas e cada parcela ocupava 1,50 m de linha com espaçamento de 1,50 m entre linhas de plantio, com delineamento em blocos. Em cada parcela foi aplicado o equivalente a 500 kg.ha⁻¹ da fórmula 00-28-16 (NPK) e 1360 g de calcário que foram devidamente incorporados antes do plantio. O material propagativo foi constituído por toletes com duas a três gemas que foram distribuídos nas fileiras.

Foram realizados dois plantios, o primeiro bloco em dezembro 2010, o segundo e o terceiro blocos em dezembro de 2011. As avaliações usadas nas análises foram realizadas no período de cana planta e cana soca em cada um dos plantios.

Em cada bloco foram realizadas capinas manuais para minimizar o efeito competitivo das plantas daninhas e adubação de cobertura utilizando uréia (N 44%) na dose de 80 Kg de N.ha⁻¹ para complementar a adubação de base e auxiliar a nutrição das plantas em crescimento.

O material genético é oriundo do Banco de Germoplasma da RIDESA-UFV, doados pelo Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa. Neste estudo foram avaliados 69 genótipos de cana-de-açúcar que se encontram listados na Tabela 20.

Tabela 20. Relação dos 69 genótipos de cana-de-açúcar avaliados pelo método dos índices de seleção.

RB72454	RB047157	RB935788	RB037168	SP87-365	RB975019	IM76229
RB739359	RB855453	RB947520	SP77-5181	SP91-1049	RB975138	RB037246
RB739735	RB855536	RB955971	SP79-1011	SP88-819	RB037191	RB008344
RB825336	RB865230	RB957610	SP80-1816	CB41-76	IAC86-2210	H Kawan Dang 301
RB835486	RB867515	RB965902	SP80-3280	CB47-355	IAC87-3396	IN84-73
RB845197	RB92579	RB965911	SP80-1836	CB49-260	RB855046	Maneria
RB845210	RB928064	RB966928	SP81-1763	CB49-15	IM76/227	RB008336
RB845257	RB93509	RB975932	SP83-2847	RB925211	RB987934	RB037188
RB855035	RB935621	RB975947	SP85-3877	RB925345	IJ76-293	RB037176
RB855036	RB935744	RB985523	SP86-42	RB92656	White Pararia	

2.2 Coleta de dados

Em cada ciclo da cultura (cana planta e soca), foram realizadas duas colheitas, a primeira no mês de maio e a segunda no mês de novembro. Em cada colheita, foi feita a contagem geral do número de perfilhos e um colmo totalmente desenvolvido de cada parcela nos três blocos, foi tomado ao acaso. Depois de colhidos e devidamente identificados, os colmos foram separados das ponteiros e levados ao laboratório para as análises.

Os caracteres avaliados foram: 1) Comprimento do Colmo (CC), medido com auxílio de uma trena; 2) Massa do Colmo (MC), obtido a partir da pesagem em balança eletrônica (JH2102, Bioprecisa) com precisão até a segunda casa decimal; 3) Brix Médio (BM), obtido a partir do caldo extraído dos entrenós em diferentes regiões do colmo (base, mediana e ápice). Esta análise foi realizada por refratometria, utilizando o refratômetro portátil (RT-30 ATC, Instrutherm), e por meio das leituras foram obtidos os resultados expressos em graus Brix (g de sólidos solúveis totais em 100g de solução); 4) Número de Perfilhos (NP), contagem do número total de colmos das touceiras analisadas. Também foi utilizada na análise a característica industrial “Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare” (SSTH), estimada por meio das seguintes equações:

- Sólidos Solúveis Totais por hectare (SSTH)

$$SSTH = TCaH \times \frac{\text{Brix Médio}}{100}$$

- Tonelada de Caldo por hectare (TCaH)

$$TCaH = \frac{TACH}{(100 - \text{Brix Médio})} \times 100$$

- Tonelada de água no colmo por hectare (TACH)

$$TACH = (\%AC / 100) \times TCH$$

- Porcentagem de água no colmo (%AC)

$$\%AC = \frac{(MFE + MFN - MSE - MSN) \times 100}{(MFE + MFN)}$$

em que:

MFE e MSE: Massa Fresca e Seca de dois entrenós medianos

MFN e MSN: Massa Fresca e Seca de dois nós medianos

- Tonelada de colmos por hectare (TCH)

$$TCH = \frac{MC \times NP}{1,5 \times 100}$$

em que:

MC: Massa do colmo (em gramas) sem a ponteira

NP: Número de perfilhos na parcela

1,5: é o espaçamento entre linhas

2.3 Análise estatística

Foi realizada a Análise de variância seguindo o delineamento blocos ao acaso com três repetições. Os tratamentos consistiram nos 69 genótipos de cana-de-açúcar. Nesta análise, cada variável foi dividida e transformada em quatro novas variáveis, considerando os dois cortes e os dois ciclos, totalizando 16 variáveis, além de ser analisada a característica tecnológica de produção SSTH. A partir das Análises das variâncias e das covariâncias foram obtidas as matrizes de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas.

Para a estimação dos coeficientes dos índices de seleção foi utilizado o método descrito por Falconer e Mackay (1996). Neste método os valores econômicos atribuídos aos indivíduos são construídos por meio do valor fenotípico do mérito, que é o caráter a ser melhorado. Neste caso, esta característica alvo foi SSTH, que representa o valor econômico ou mérito dos genótipos e é dependente dos caracteres agrônômicos avaliados. Fundamenta-se no estabelecimento do vetor \hat{b} , estimado por meio da expressão matricial:

$$[P][b] = [A]$$

Nesta expressão $[P]$ é a matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas das características medidas (excetuando-se o mérito, SSTH), $[b]$ é o vetor dos coeficientes do índice de seleção e $[A]$ é o vetor de covariâncias genotípicas entre o mérito e as variáveis avaliadas. Assim, podemos estimar os coeficientes b 's da seguinte forma:

$$\hat{b} = P^{-1} A$$

Foram estimados índices considerando as variáveis SSTH, sendo o índice 1: dois ciclos, cana planta e cana soca e nos dois cortes, (2Ci/2Co), índice 2: apenas no primeiro ciclo (CP), índice 3: apenas no segundo ciclo (CS), índice 4: apenas no primeiro corte do primeiro ciclo (1°Co/CP), índice 5: apenas no segundo corte do primeiro ciclo (2°Co/CP), índice 6: apenas no primeiro corte do segundo ciclo (1°Co/CS), índice 7: apenas no segundo corte do segundo ciclo (2°Co/CS), índice 8: apenas no primeiro corte dos dois ciclos (1°Co) e índice 9: apenas no segundo corte dos dois ciclos (2°Co).

Uma vez estimados os índices estes passaram a constituir um novo caráter, os quais foram submetidos a análises de variância juntamente com o caráter tecnológico de produção (SSTH). A partir de cada análise foram obtidas as herdabilidades e as correlações genótípicas e fenotípicas entre os índices e o SSTH. Segundo Falconer e Mackay (1996), podemos relacionar a resposta pela seleção obtida de forma indireta (CR_x), isto é, selecionando o índice, com a seleção direta, selecionando diretamente o SSTH (R_x) para obter ganho no mérito, pela expressão:

$$\frac{CR_x}{R_x} = \frac{i_y h_y r_g}{i_x h_x}$$

Para efeitos comparativos, i_x e i_y podem ser considerados iguais, simplificando a expressão.

A análise de variância dos dados foi realizada empregando-se os recursos computacionais do Programa Genes 7.0 (CRUZ, 2009).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes dos índices calculados com base nos caracteres Comprimento do Colmo (CC), Massa do Colmo (MC), Número de Perfilhos (NP), Brix Médio (BM) em dois ciclos, cana planta e cana soca, e dois cortes por ciclo e o caráter de interesse industrial sólidos solúveis totais (SSTH) encontram-se na Tabela 21.

Observa-se que em todos os índices formados a característica de maior importância foi o Brix Médio que apareceu com os maiores coeficientes, seguido pelo Número de perfilhos. Ao contrário do esperado, a massa do colmo teve na maioria dos índices, coeficientes baixos.

Tabela 21. Coeficientes dos índices de seleção (\hat{b}), para o caráter SSTH, obtidos de 69 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em duas épocas de corte (maio e novembro) e nos dois ciclos da cultura (cana planta e cana soca).

Caracteres	Coeficientes (\hat{b})								
	I ₁	I ₂	I ₃	I ₄	I ₅	I ₆	I ₇	I ₈	I ₉
Cana Planta, primeiro corte									
Comprimento do Colmo (CC)	-0,036	-0,018	-	-0,034	-	-	-	-0,031	-
Massa do Colmo (MC)	0,004	0,004	-	0,007	-	-	-	0,005	-
Número de Perfilhos (NP)	0,161	0,166	-	0,202	-	-	-	0,148	-
Brix Médio (BM)	0,498	0,526	-	0,476	-	-	-	0,456	-
Cana Planta, segundo corte									
Comprimento do Colmo (CC)	-0,014	-0,018	-	-	-0,018	-	-	-	-0,013
Massa do Colmo (MC)	0,003	0,004	-	-	0,007	-	-	-	0,006
Número de Perfilhos (NP)	-0,036	0,046	-	-	0,126	-	-	-	0,022
Brix Médio (BM)	-0,359	-0,133	-	-	0,240	-	-	-	-0,033
Cana Soca, primeiro corte									
Comprimento do Colmo (CC)	0,004	-	-0,010	-	-	-0,029	-	-0,002	-
Massa do Colmo (MC)	0,002	-	0,003	-	-	0,005	-	0,003	-
Número de Perfilhos (NP)	0,014	-	0,011	-	-	0,116	-	0,101	-
Brix Médio (BM)	0,016	-	0,361	-	-	0,670	-	0,124	-
Cana Soca, segundo corte									
Comprimento do Colmo (CC)	0,015	-	0,008	-	-	-	0,015	-	0,015
Massa do Colmo (MC)	-0,002	-	-0,0001	-	-	-	0,00004	-	-0,002
Número de Perfilhos (NP)	0,074	-	0,126	-	-	-	0,094	-	0,110
Brix Médio (BM)	0,347	-	0,403	-	-	-	0,736	-	0,558

I₁: 2Ci/2Co; I₂: CP; I₃: CS; I₄: 1°Co/CP; I₅: 2°Co/CP; I₆: 1°Co/CS; I₇: 2°Co/CS; I₈: 1°Co; I₉: 2°Co.

A Tabela 22 mostra o resumo da ANOVA realizada para a característica Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare (SSTH) e para os índices de seleção calculados para cada avaliação considerando o ciclo da cultura (Cana Planta e Cana Soca) e os dois cortes, sendo o primeiro realizado no mês de maio e o segundo no mês de novembro.

Pode ser observado que houve efeito significativo a 5% de probabilidade pelo teste F para todas as avaliações (valores baseados nos índices) e para SSTH, mostrando que as épocas em que foram realizados os cortes e os ciclos da cultura, são satisfatoriamente distintos, gerando diferenças significativas entre as avaliações.

Tabela 22. Resumo da análise de variância e parâmetros genéticos estimados a partir dos índices de seleção e do caráter tecnológico de produção SSTH, obtidos a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 69 genótipos de cana-de-açúcar, em duas épocas de corte (maio e novembro) e nos dois ciclos da cultura (cana planta e cana soca).

Fonte de variação	G.L	Q.M.									
		SSTH	I ₁	I ₂	I ₃	I ₄	I ₅	I ₆	I ₇	I ₈	I ₉
Genótipos	68	59,19*	31,52*	26,66*	22,98*	24,74*	18,84*	19,29*	20,74*	31,90*	23,74*
Resíduo	136	17,55	9,46	6,99	7,18	6,36	7,73	9,07	8,24	15,43	9,17
CV%		28,93	22,91	29,67	12,54	21,65	27,77	23,88	12,63	24,04	16,13
σ^2_g		13,88	7,35	6,55	5,26	6,13	3,70	3,40	4,16	5,45	4,86
σ^2_e		5,85	3,15	2,33	2,39	2,11	2,58	3,02	2,74	5,14	3,05
σ^2_f		19,73	10,51	8,88	7,66	8,24	6,28	6,43	6,91	10,63	7,91
CVg/CVe		0,88	0,88	0,97	0,86	0,98	0,69	0,61	0,71	0,60	0,73

SSTH= Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare; I₁= (2Ci/2Co); I₂= (CP); I₃= (CS); I₄= (1°Co/CP); I₅= (2°Co/CP); I₆= (1°Co/CS); I₇= (2°Co/CS); I₈= (1°Co); I₉= (2°Co). CV%= Coeficiente de Variação; σ^2_g = variância genotípica; σ^2_e = variância ambiental; σ^2_f = variância fenotípica; CVg/CVe= razão entre os coeficientes de variação genotípica e ambiental.

*, Significativo a 5% pelo teste F.

Observa-se que a variância genotípica foi de magnitude superior à variância ambiental para os índices e para SSTH, evidenciando que a expressão do caráter SSTH e dos índices, em sua maior parte, foi devida aos efeitos genéticos, sugerindo uma possibilidade de sucesso se for utilizada tanto a seleção direta para o SSTH quanto a seleção indireta por meio dos índices. Vale ressaltar que este resultado é próprio dos genótipos estudados e do ambiente em que foram cultivados, uma vez que, para a obtenção do índice foram utilizadas as estimativas de parâmetros genéticos que variam de acordo com a população e com o controle experimental realizado. Segundo Pedrozo et al. (2009), a eficiência de seleção de determinado índice deve ser considerada como característica inerente à população estudada.

As avaliações realizadas em cana planta (CP) e no 1° corte da cana planta (1°C/CP) apresentaram valores da razão CVg/CVe próximo a um, o que reflete uma situação bastante favorável à seleção. Este resultado indica que a seleção com base no índice feita no ciclo da cana planta (sendo analisados dois cortes neste ciclo) ou se realizado somente considerando o 1° corte da cana planta, é mais vantajoso, podendo ser obtidos resultados satisfatórios na seleção dos genótipos superiores que tenham as características de interesse agrônomo associadas no mesmo fenótipo.

A partir da análise da variância realizada para cada avaliação considerando como variáveis os valores médios da característica SSTH e os índices calculados nas respectivas avaliações, foram obtidos os valores da herdabilidade (h^2), bem como as correlações genotípicas. Com estes parâmetros foi possível estimar a resposta correlacionada com a seleção indireta pelo índice e a seleção direta para SSTH (CR_I/R_{SSTH}), que são apresentados na Tabela 23.

Tabela 23. Parâmetros genéticos e estimativas da razão entre ganho indireto (Índice de Seleção) e o ganho direto (SSTH) em diferentes avaliações de 69 genótipos de cana-de-açúcar.

Avaliação		h^2	r_g	r_f	CR_I/R_{SSTH}
SSTH		0,70			
I ₁	2Co/2Ci	0,70	1,04	0,88	1,04
I ₂	CP	0,97	0,93	0,80	1,29
I ₃	CS	0,68	0,28	0,23	0,27
I ₄	1°C/CP	0,74	0,28	0,06	0,30
I ₅	2°C/CP	0,59	0,31	0,21	0,26
I ₆	1°C/CS	0,53	0,42	0,29	0,32
I ₇	2°C/CS	0,60	0,22	0,18	0,19
I ₈	1°C	0,52	0,22	0,18	0,16
I ₉	2°C	0,70	0,32	0,24	0,32

SSTH= Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare; I₁ = 2 cortes e 2 ciclos; I₂ = Cana Planta, I₃ = Cana Soca; I₄ = 1º corte em cana planta; I₅ = 2º corte em cana planta; I₆ = 1º corte em cana soca; I₇ = 2º corte em cana soca; I₈ = 1º corte nos dois ciclos; I₉ = 2º corte nos dois ciclos. h^2 = herdabilidade; r_g = correlação genotípica entre o índice e o SSTH; CR_I/R_{SSTH} = Estimativa da resposta correlacionada em SSTH pela seleção com base no Índice.

Foi observado na avaliação no ciclo da cana planta que o valor da herdabilidade de 0,97, foi o mais alto comparado aos obtidos nas demais avaliações. O alto valor da herdabilidade indica alta correlação entre o valor fenotípico e o genotípico e que as diferenças observadas entre os indivíduos, significam que existem verdadeiras diferenças genéticas entre eles, garantindo o sucesso da estratégia de seleção utilizada (CRUZ, 2005).

A magnitude das estimativas das correlações genotípicas (r_g) variaram de altas (2Co/2Ci e CP) a baixas nas demais avaliações e todas superaram os valores das correlações fenotípicas (r_f), indicando que os componentes genéticos têm maior influência na determinação das correlações do que os de ambiente. De acordo com Cruz e Regazzi (1997), somente a correlação genética favorável aos dois caracteres, possibilita obter ganho para um deles por meio da seleção indireta no outro associado.

Com base nos valores das estimativas da resposta correlacionada do índice (CR_I) com a seleção direta com SSTH (R_{SSTH}), pode-se inferir que a possibilidade de ganhos para a característica desejada utilizando a resposta correlacionada será alcançada considerando as informações obtidas na avaliação destes materiais no ciclo de cana planta (com a realização de dois cortes), ou com base nas avaliações dos dois cortes nos dois ciclos (cana planta e cana soca). Entretanto, mesmo que esta última opção tenha apresentado resposta correlacionada em SSTH, pela seleção no índice, superior às demais avaliações ($CR_I/R_{SSTH} > 1$), a resposta para o SSTH nesta condição, exigiria um maior gasto de tempo e esforços, visto que seriam necessárias avaliações durante os dois ciclos da cultura.

O caráter SSTH apresentou o valor de herdabilidade de alta magnitude ($h^2= 0,70$), porém inferior ao observado na avaliação com base no índice no ciclo da cana planta ($h^2=0,97$). Segundo Cruz (2005), quando o caráter principal for de baixa herdabilidade, e muitas vezes de difícil medição e identificação, a resposta por seleção indireta será compensatória se tiver outro caráter auxiliar de fácil medição e de alta herdabilidade e com alta correlação com o caráter principal. No presente estudo, o caráter SSTH foi obtido por meio da estimativa de outros caracteres como TCaH, TACH, %AC e TCH, e requer a determinação do peso seco, que pode ser dispendioso e demandar tempo. Os caracteres utilizados na estimação do índice para seleção indireta (Comprimento do Colmo, Brix Médio e Número de Perfilhos) são facilmente obtidos por medições diretas a campo, e somente para característica massa de colmo é necessária a colheita do mesmo. Além disso, foi observada alta correlação positiva entre o índice (estimado no ciclo da cana planta) e o caráter SSTH

($r_g=0,93$) (Tabela 23). Dessa forma, o uso do índice como critério para seleção indireta para SSTH constitui-se uma ferramenta auxiliar no processo de seleção. Falconer (1987) relata que algumas vezes é possível alcançar progressos mais rápidos, por meio de resposta correlacionada, do que pela seleção do caráter diretamente desejado, especialmente quando existem dificuldades técnicas de se aplicar a seleção direta sobre o caráter desejado. Em concordância, Pedrozo et al. (2008) relataram que para a seleção de genótipos com base na avaliação do caráter toneladas de colmos por hectare (TCH) é necessário que toda a parcela seja colhida e pesada. Tal procedimento além de ser trabalhoso, inviabiliza o processo de obtenção de mudas para a instalação de experimentos subsequentes. Desta forma, a estimativa da produção com base em caracteres de fácil obtenção e que tenham alta correlação com o caráter de interesse (TCH) pode indicar a possibilidade de ganho com a seleção indireta.

Em diversos trabalhos com cana-de-açúcar e outras culturas, o índice de seleção utilizando a seleção simultânea para vários caracteres, mostra-se uma boa ferramenta que auxilia o melhorista a associar em apenas um genótipo vários fenótipos desejados aumentando a eficiência na estratégia de seleção.

De acordo com os resultados obtidos, o emprego do índice de seleção com base na resposta correlacionada mostrou que existe a possibilidade de serem obtidos ganhos para o caráter de interesse industrial SSTH por meio da seleção indireta, sendo possível alcançar este mérito avaliando-se os genótipos de cana-de-açúcar em apenas um ciclo de cultivo.

A partir do índice com melhor resposta, foi realizada a classificação dos genótipos. Para isso, foram obtidas a média e o desvio padrão com base nos valores dos índices e, a classificação dos genótipos foi a seguinte: genótipos superiores foram aqueles que apresentaram valores médios do índice acima de 11,9 (Média Geral + Desvio Padrão) e inferiores, os que apresentaram valores médios abaixo de 5,9 (Média Geral - Desvio Padrão) (Anexo AF). Dessa forma, para a região estudada, destacaram-se os genótipos SP85-3877, RB855046, RB975138, RB935744, SP88-819, RB865230 e RB037188, que apresentaram simultaneamente as características agrônômicas desejáveis, e os maiores valores do índice para a seleção indireta para o caráter SSTH, indicando potencial destes materiais para serem utilizados em cruzamentos futuros.

CONCLUSÕES

1. Os diferentes índices propostos apresentaram respostas correlacionadas variáveis para o caráter de interesse industrial SSTH;
2. O índice que incluiu apenas os dados do primeiro ciclo (primeiro e segundo cortes) apresentou ganho superior ao da seleção direta no caráter SSTH , superando inclusive o que emprega todas as medidas relativas aos dois cortes e aos dois ciclos, o que pode possibilitar uma economia de tempo e maior facilidade na seleção para esta característica.
3. Para a região estudada, a estratégia de seleção baseada no índice de seleção indireta possibilitou a identificação dos genótipos SP85-3877, RB855046, RB975138, RB935744, SP88-819, RB865230 e RB037188, como os mais promissores a serem utilizados em cruzamentos futuros nos programas de melhoramento vegetal.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, J. B. R.; ALMEIDA, J. C. C.; MELLO, W. A. et al. Produção, características morfológicas e de maturação de cultivares de cana-de-açúcar com diferentes ciclos de amadurecimento para uso na alimentação animal na região de Barbacena/MG, Brasil. *Boletim Indústria Animal*, v. 64, n. 2, p. 115-121, 2007.
- ANDERSON, T. W. An introduction to multivariate statistical analysis. 2 ed. Nova York: John Wiley & Sons. 675 p. 1984.
- ARRIEL, N. H. C.; SANTOS, J. W.; MOREIRA, J. A. N.; NÓBREGA, M. B. M.; ANDRADE, F. P. Avaliação de descritores quantitativos na caracterização preliminar de germoplasma de gergelim (*Sesamum indicum* L.). *Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibras*. v.4, n.1, p.45-54, 2000.
- AUDE, M. I. S. Estádios de desenvolvimento da cana-de-açúcar e suas relações com a produtividade. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.23, n.2, p.241-248, 1993.
- BARBIERI, V.; VILLA NOVA, N. A. Climatologia e a cana-de-açúcar. Araras: PLANALSUCAR - Coordenadoria Regional Sul - COSUL. *Climatologia*, p.1-22. 1977.
- 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.; SILVEIRA, L. C. I. da. Breeding and cultivar recommendations. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Eds.). *Sugarcane: bioenergy, sugar and ethanol: technology and prospects*. Brasília: MAPA/ACS: UFV/DEA, p. 301-318. 2012.
- 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.
- BENEDETTI, M. M. Palhada de cana-de-açúcar em condição de Cerrado: Decomposição e disponibilidade de nutrientes. 2014. 66p. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Federal de Uberlândia, MG, 2014.
- BERNARDES, M. S.; CÂMARA, G. M. S. Cultura da cana-de-açúcar. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Produção Vegetal, 20 p. 2001.
- BESSE, P.; MCINTYRE, C. L.; BERDING, N. Characterisation of *Erianthus* sect. *Ripidium* and *Saccharum* germplasm (*Andropogoneae-Saccharinae*) using RFLP markers. *Euphytica* 93:283-292. 1997.
- BEZUIDENHOUT, C. N.; O'LEARY, G. J.; SINGELS, A.; BAJIC, V. B. A process based model to simulate changes in tiller density and light interception of sugarcane crops. *Agricultural Systems*, 76, 589-599. 2003.
- BORÉM, A. Melhoramento de Plantas. Viçosa: UFV, 547p.1997.

BORÉM, A.; DOE, J. A.; DIOLA, V. Molecular Biology and Biotechnology. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (eds). Sugarcane: bioenergy, sugar and ethanol: technology and prospects. 568 p. Brasília: MAPA/ACS: UFV/DEA, p. 319-336. 2012.

BRANDES, E. W. Origin, dispersal and use in breeding of the Melanesian garden sugarcane and their derivatives *Saccharum officinarum* L. *Proc. Cong. Int. Soc. Sug. Technology*, 9 (1). p. 709-750. 1956.

BRESSIANI, J. A. Herdabilidade e repetibilidade dos componentes da produção na cultura da cana-de-açúcar. 68 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade de São Paulo, 1993.

BRESSIANI, J. A. Seleção Massal em Cana-de açúcar. 104 p. Tese (Doutorado). Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / Universidade de São Paulo. 2001.

BRUNINI, O. Ambientes climáticos e exploração agrícola da cana-de-açúcar. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A.C M. de; ANDRADE LANDELL, M. G. DE. Cana-de-açúcar. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. p. 205-218.

BRZESOWSKY, W. J. Factor affecting sugarcane: 2: Crop growth rate. *Agriculture International*, v.38, n.1, p.30-35, 1986.

BUENO, P. M. C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.; WEBER, H. Épocas de corte e a produtividade em genótipos de cana-de-açúcar, em cana-soca. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 33, suplemento 1, p. 2715-2726, 2012.

BULL, T. A.; GLASZIOU, K. T. The evolutionary significance of sugar accumulation in *Saccharum*. *Aust J Biol Sci*, 16:737-742. 1963.

BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. Introdução à análise de agrupamentos. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE PROBABILIDADE E ESTATÍSTICA, 9, 1990. São Paulo. Anais... Associação Brasileira de Estatística, ABE, 87 p.1990.

BÜTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F. I. F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.40, n.6, p.1264-1269, jun, 2010.

BUTTERFIELD, M. K.; D'HONT, A.; BERDING, N. The sugarcane genome: a synthesis of current understanding and lessons for breeding and biotechnology. *Proceedings of the South African Sugarcane Technologists Association*, KwaZulu-Natal, v. 75, p.1-5, 2001.

CÂMARA, G. M. S. Ecofisiologia da cultura da cana-de-açúcar In: CÂMARA, G. M. S. OLIVEIRA E. A M. (Ed.). Produção de cana-de-açúcar. Piracicaba: ESALQ/FEALQ, p. 31-64. 1993.

CARMO NETO, O. V.; LUI, J. J.; PIRES, L. P. M.; CANCELLIER, L. L.; PELUZIO, J. M. Desempenho de genótipos de cana-de-açúcar em três cortes na região sul do estado do Tocantins. *Revista Verde (Mossoró – RN – Brasil)* v.6, n.4, p. 19-27, 2011.

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.

CARVALHO, M. F.; ALBUQUERQUE JUNIOR, C. L.; GUIDOLIN, A. F.; FARIAS, F. L. Aplicação da análise multivariada em avaliações de divergência genética através de marcadores moleculares dominantes em plantas medicinais. *Rev. bras. plantas med.* [online]. vol.11, n.3, pp. 339-346, 2009.

CASAGRANDE, A. A. Tópicos de morfologia e fisiologia da cana-de-açúcar. Jaboticabal: FUNEP, 157p. 1991.

CASU, R. E.; MANNERS, J. M.; BONNETT, G. D.; JACKSON, P. A.; McINTYRE, C. L.; DUNNE, R.; CHAPMAN, S. C.; RAE, A. L.; GROF, C. P. L. Genomics approaches for the identification of genes determining important traits in sugarcane. *Field Crops Res.*, 92: 137-147. 2005.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. Melhoramento da cana-de-açúcar. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 307 p. 2004.

CHAUDHARY, R. R. Genetic Variability and Heritability in Sugarcane. *Nepal Agric. Res. J.*, Vol. 4 e 5, 2001.

COLE-RODGERS, P.; SMITH, D. W.; BOSLAND, P. W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using *Capsicum* as an example. *Crop Science*, v. 37, p. 1000 - 1002, 1997.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento de safra brasileira : cana-de-açúcar, segundo levantamento, agosto/2013 - Companhia Nacional de Abastecimento. – Brasília : Conab 2013.

COSTA, K. D. S.; CARVALHO, I. D. E.; SANTOS, L. S.; SANTOS, P. R.; SILVA, J. W. Seleção de descritores em cana-de-açúcar por meio de componentes principais. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*. v. 8, n. 1, p. 207 – 210 , 2013.

CRUZ, C. D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. 1990. Tese (Doutorado). ESALQ, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOSKY, R. Estudos sobre divergência genética: fatores que afetam a predição do comportamento de híbridos. *Revista Ceres*, v.41, p.179-182, 1994.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 390 p. 1997.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 585p. 2003.

- CRUZ, C. D. Programa Genes: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 648p. 2001.
- CRUZ, F. A. Instalação e calibração de lisímetro de pesagem e determinação da evapotranspiração de referência para a região de Seropédica - RJ. 2005. 56 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 2005.
- CRUZ, C. D. Princípios de Genética Quantitativa. Viçosa: UFV, 394 p. 2005.
- CRUZ, C. D. Programa Genes: Biometria. Viçosa: Ed. UFV, 382 p. 2006.
- CRUZ, C. D. Programa Genes: Diversidade Genética. Viçosa: Ed. UFV, 278 p. 2008.
- CRUZ - Aplicativo computacional em genética e estatística. Disponível em: www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm. 2009.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v. 1, 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, 514 p. 2012.
- DANIELS, J.; ROACH, B. T. Taxonomy and evolution in sugarcane. Sugarcane improvement through breeding, Elsevier Press, Amsterdam. p 7. 1987.
- DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M DE; LANDELL, M. G. A. Cana-de-açúcar. Campinas: Instituto Agrônomo. 882p. 2008.
- D'HONT, A.; LU, Y. H.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J. C. Cytoplasmic diversity in sugarcane revealed by heterologous probes. Sugar Cane 1:12–15. 1993.
- D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; RAO, P. S.; BERDING, N. et al. Identification and characterization of sugarcane intergeneric hybrids, *Saccharum officinarum* x *Erianthus arundinaceus*, with molecular markers and DNA in situ hybridization. *Theor Appl Genet.* 91:320–326.1995.
- D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; RAO, S.; BERDING, N.; GLASZMANN, J. C. Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. *Molecular and General Genetics* 250: 405-413. 1996.
- D'HONT, A.; SOUZA, G. M.; MENOSSI, M.; VINCENTZ, M.; VAN-SLUYS, M. A.; GLASZMANN, J. C.; ULIAN, E. Sugarcane: a major source of sweetness, alcohol, and bio-energy. In: MOORE, P. H.; MING, R. (eds). Plant genetics and genomics: crops and models. Springer NewYork. 1: 483–513. 2008.
- DUTRA FILHO, J. A.; MELHO, L. J. O. T.; SIMÕES NETO, D. E.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; BASTOS, G. Q.; DAROS, E. Seleção de progênies e correlação de componentes de produção em cana-de-açúcar. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias.* v.6, n.3, p.432-439, 2011.
- FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Tradução de M. A. SILVA; J. C. SILVA. Viçosa: UFV, 279p. 1987.

FALCONER, D. S. Introduction to quantitative genetics. 3rd ed. New York: Longman Scientific and Technical, 438 p. 1989.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics. 4 ed. Endinburgh: Longman Group Limited. 464 p. 1996.

FAUCONIER, R.; BASSEREAU, D. La caña de azúcar. Barcelona: Blume, 433p. 1975.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3ª Ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEM, 220 p. 1998.

FERNANDES, A. C. Cálculos na Agroindústria da cana de açúcar. Piracicaba, STAB: Açúcar, Álcool e Subprodutos, 193p. 2000.

FERNANDES, E. C.; MARQUES, M. M.; SANGLARD, N. A.; SANTOS, G. C. V.; MACEDO, P. M. S.; DIOLA, V. Dissimilaridade genética e informatividade dos marcadores moleculares *ESTs-SSRs* em cana-de-açúcar. VIII Curso de Inverno de Genética da Unesp/Fcav. Jaboticabal-SP. 2012.

FEHR, W. R. Breeding methods for cultivar development. In: WILCOX, J.R. (Ed.). Soybeans: improvement, production and uses. 2.ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA, p.249-293. 1987.

FILHO, A. G.; OLIVEIRA, J. G.; VIANA, A. P.; SIQUEIRA, A. P. O.; OLIVEIRA, M. G.; PEREIRA, M. G. Marcadores moleculares RAPD e descritores morfológicos na avaliação da diversidade genética de goiabeiras (*Psidium guajava* L.). Acta Scientiarum. Agronomy. v. 32, n. 4, p. 627-633, 2010.

FUGANTI, R.; BENEVENTI, M. A.; SILVA, J. F. V.; ARRABALARIAS, C. A.; MARIN, S. R. R.; ELISEU BINNECK, E.; NEPOMUCENO, A. L. Identificação de marcadores moleculares de microssatélites para seleção de genótipos de soja resistentes a *Meloidogyne javanica*. Nematologia Brasileira, v. 28, n. 02, p. 125-130, 2004.

GASCHO, G. J.; SHIH, S. F. Sugarcane. In: TEARE, I.D.; PEET, M.M. (Ed.). Crop water relations. New York: John Wiley, p. 445-479. 1983.

GHELLER, A. C. A. Fatores que afetam o desempenho de maturadores e reguladores e crescimento em cana-de-açúcar. In: SEMANA DA CANA-DEAÇÚCAR DE PIRACICABA, 4., Piracicaba, 1999. Anais... Piracicaba: *Saccharum*. p. 16-19, 1999.

GLASZMANN, J. C.; FAUTRET, A.; NOYER, J. L.; FELDMANN, P.; LANAUD, C. Biochemical genetic markers in sugarcane. Theor Appl Genet, 78:537-543. 1989.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Seleção e herdabilidade na produção de ganhos genéticos em maracujá amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42:193-198. 2007.

GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I.; MAGALHÃES, J. V.; SOUZA JUNIOR, C. L. Marcadores Moleculares no Melhoramento. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. Marcadores Moleculares. 2ª Ed. Viçosa, MG: UFV. p. 129-175. 2009.

HAZEL, L. V. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28:476-490, 1943.

HOARAU, J. Y.; OFFMANN, B.; D'HONT, A.; RISTERUCCI, A. M.; ROQUES, 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* 103: 84–97. 2001.

HODKINSON, T. R.; CHASE, M. W.; LLEDO, M. D.; 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. *J Plant Res.* 115(5):381–92. 2002.

HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. I Estimation of variance components. *Australian Journal Research*, Victoria, v.22, n.1, p.93-102, 1971.

HUMBERT, R.P. The Growing of Sugar cane. Amsterdam: Elsevier Publishing Company, 779 p. 1968.

INMAN-BAMBER, N. G., SMITH, D. M. Water relations in sugarcane and response to water deficits. *Field Crops Research*, v.92, p.185-202, 2005.

IRVINE, J. E. Sugarcane. In: SYMPOSIUM ON POTENTIAL PRODUCTIVITY OF FIELD CROPS UNDER DIFFERENT ENVIRONMENTS, Los Baños, 1983. Proceedings. Los Baños: IRRI, p.361-381. 1983.

IVOGLO, M. G.; FAZUOLI, L. C.; OLIVEIRA, A. C. B.; GALLO, P. B.; MISTRO, J. C.; SILVAROLLA, M. B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. *Bragantia*, Campinas , v. 67, n. 4, 2008.

JAMES, N. I. Yield components in random and selected sugarcane populations. *Crop Science*, v.11, p.906-908, 1971.

LAM, E.; SHINE, J. JR.; da SILVA, J.; LAWTON, M.; BONOS, S.; CALVINO, M.; CARRER, H.; SILVA-FILHO, M. C.; GLYNN, N.; HELSEL, Z.; MA, J.; RICHARD, E. Jr.; SOUZA, G.; MING, R. Improving Sugarcane for Biofuel: Engineering for an even better feedstock. *Global Change Biology Bioenergy*, 1:251-255. 2009.

LANDELL, M. G. A.; ALVAREZ, R.; ZIMBACK, L.; CAMPAA, M. P.; SILVA, M. A.; PEREIRA, J. C. V. N. 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, 58 (2), p. 269-280, 1999.

LANDELL, M. G. de A.; PINTO, L. R.; CRESTE, S.; XAVIER, M. A.; ANJOS, I. A. dos.; VASCONCELOS, A. C. M.; BIDÓIA, M. A. P.; SILVA, D. N. da; SILVA, M. A. Seleção de novas variedades de cana-de-açúcar e seu manejo de produção. *Encarte de informações agrônômicas*. n. 110. P. 18-24. 2005.

LATTER, B. D. H. Selection methods in the breeding of cross-fertilized pasture species. In: BARNARD, C. (Ed.) Grasses and Grasslands. MacMillan, London. p. 168-181. 1964.

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*, Viçosa, MG, v. 6, n. 1, p. 40-46, 2006.

LIBERATO, J. R. Aplicações de Técnicas de análise multivariada em fitopatologia. 1995. 144 p. Dissertação (Mestrado). UFV, Viçosa, MG. 1995.

LIMA, S. A. A.; SILVA, I. F.; SANTIAGO, R. D.; SILVA NETO, L. F.; SOUZA, C.; CAVALCANTE, F. S. Influência da adubação mineral sobre três cultivares de cana-de-açúcar na microrregião de Guarabira na Paraíba. *Agropecuária Técnica*, v.27, n.2, p.92-99, 2006.

LIU, D. L.; KINGSTON, G.; BULL, T. A. A new technique for determining the thermal parameters of phenological development in sugarcane, including sub optimum and supra-optimum temperature regimes. *Agricultural and Forest Meteorology*, Amsterdam, v. 90, p. 119-139, 1999.

LIU, G.; ZHOU, H.; HU, H.; ZHU, Z.; HAYAT, Y.; XU, H.; YANG, J. Genetic analysis for brix weight per stool and its component traits in sugarcane (*Saccharum officinarum*). *Journal of Zhejiang University Science B*. 8 (12):860-866. 2007.

LOARCE, Y.; GALLEGO, R.; FERRER, E. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. *Euphytica*, Wageningen, v. 88, p. 107-115, 1996.

LOPES, J. F.; CARVALHO, S. I. C. A Variabilidade Genética e o Pré-Melhoramento. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. (Eds.). Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados; Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, p. 63-74. 2008.

LOPES, F. C. C. Mapeamento genético de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) por associação empregando marcadores SSR e AFLP. 140 p. Tese (Doutorado). Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / Universidade de São Paulo, 2011.

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P. Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar usando análise multivariada associada a modelos mistos. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 35, n. 1, p. 125-134, 2014.

LU, Y. H.; D'HONT, A.; WALKER, D. I. T.; RAO, P. S.; FELDMANN, P. et al. Relationships among ancestral species of sugarcane revealed with RFLP using single copy maize nuclear probes. *Euphytica* 78:7-8. 1994.

MACHADO, E. C.; PEREIRA, A. R.; FAHL, J. I.; ARRUDA, H. V.; CIONE, J. Análise quantitativa de crescimento de quatro variedades de milho em três densidades de plantio, através de funções matemáticas ajustadas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 17, 1323-1329. 1982.

MALUF, W. R.; FERREIRA, P. E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.1, n.2, p.31-34. 1983.

MANLY, B. F. J. *Multivariate Statistical Methods a Primer*. Chapman and Hall, London. 159 p. 1986.

MANLY, B. F. J. *Multivariate statistical methods: a primer*. 2ed. Londres: Chapman &Hall. 215 p. 1998.

MARAFON, A. C. Análise quantitativa de crescimento em cana-de-açúcar: uma introdução ao procedimento prático. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 29 p. 2012.

MARCHIORI, L. F. S. Influência da Época de Plantio e Corte na Produtividade na Cana-de-Açúcar. 273 p. Tese (Doutorado). Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / Universidade de São Paulo, 2004.

MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. *Multivariate analysis*. Londres: Academic Press. 521 p. 1979.

MARIOTTI, J. A. Associations among yield and quality components in sugarcane hybrid progênies. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 14, New Orleans, 1971. Proceedings. New Orleans: ISSCT, p. 177-184, 1971.

MARTINS, I. S.; PIRES, I. E.; OLIVEIRA, M. C. Divergência genética em progênies de uma população de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. *Floresta e Ambiente*, v. 9, n.1, p.81 - 89, 2002.

MAULE, R.F.; MAZZA, J.A; MAETHA,G.B. Produtividade agrícola de cultivares de cana-de-açúcar em diferentes solos e épocas de colheita. *Scientia Agrícola*, Piracicaba,v.58, n.2, p.295-301, 2001.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento de cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. 2 ed. Viçosa: UFV. p. 225-274. 2005.

MELO, L. C.; LEMES, G. C.; PELOSO M. J.; FARIA, L. C.; Joaquim Geraldo Cáprio da COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; DIAZ, J. L. C.; ABREU, A. F. B; CARVALHO, H. W. L.; TEIXEIRA, M. G.; WARWICK, D. R. N.; Israel Alexandre PEREIRA FILHO, I. A.; ZIMMERMANN, F. J. P. Estimativas de Parâmetros Genéticos, Estabilidade e Adaptabilidade no Programa de Melhoramento do Feijoeiro Comum da Embrapa Arroz e Feijão. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Arroz e Feijão), Santo Antônio de Goiás, 31 p. 2005.

MELO, L. J. O. T.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; REIS, O. V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da mata Norte de Pernambuco. *Bragantia*, 65:197-205. 2006.

MELO, L. J. O. T.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; REIS, O. V. Desempenho agroindustrial de cultivares de cana-de-açúcar na zona da mata litoral sul de Pernambuco. *Ciênc. agrotec.*, Lavras, v. 33, n. 3, p. 684-691, 2009.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. *Psychometrika* 50: 159-179. 1985.

MING, R.; MOORE, P. H.; WU, K.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J. C.; TEW, T. L. Sugarcane Improvement Through Breeding and Biotechnology. In: JANICK, J. (Ed.). *Plant Breeding Reviews*, v. 27, p. 15-118. 2006.

MIRANDA, J. E. C. de; CRUZ, C. D.; COSTA, C. P. da. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. *Revista Brasileira de Genética*. 11, 4, p. 929-937. 1988.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants – Salient Statistical Tools and Considerations. *Crop Sci.* v. 43, p. 1235 – 1248. 2003.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal* 20: 359-363. 1977.

MORAES, M. F.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; 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. *Ciênc. agrotec.*, Lavras, v. 34, n. 5, p. 1086-1092, 2010.

MOREIRA, J. A. N.; SANTOS, J. W.; OLIVEIRA, S. R. M. Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma. Campina Grande: Embrapa-CNPA, 115 p. 1994.

MORRISON, D. F. *Multivariate statistical methods*. 2ª edição. Singapore: McGraw-Hill, 415 p. 1976.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.

NOVACANA. As usinas de Açúcar e Etanol do Brasil. Disponível em: <http://www.novacana.com/usinas-brasil/>>. Acesso em: 19 de julho de 2014.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; PEDROSA, M. W.; GARCIA, N. C. P.; GARCIA, S. L. R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 26, no. 2, p. 211-217, 2004.

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.

OLIVEIRA, F. M. de. Avaliação das características agrotecnológicas de duas variedades de cana-de-açúcar influenciadas por diferentes épocas de supressão de irrigação e níveis de

adubação. 2011. 110p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) UNIMONTES, Janaúba-MG, 2011.

PAIVA, J. R. de. Estimativas de parâmetros genéticos em seringueira (*Hevea* sp.) e perspectivas de melhoramento. 92p. Dissertação Mestrado. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”/Universidade de São Paulo, 1980.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit of to systems of points in space. *Philosophical Magazine*, Seção A, London, v. 2, p. 559-572, 1901.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; COSTA, P. M. A.; SILVA, F. L. Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. *Revista Ceres*, v. 55, n. 1, p 01-08, 2008.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, v.10, n.1, p.031-036, 2009.

PEREIRA, A.V.; VENCovsky, R.; CRUZ, C.D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) germplasm. *Revista Brasileira de genética*, v.15, p.115-124, 1992.

PEREIRA, E. B. B.; PEREIRA, M. B. Um critério para descarte de variáveis na análise de componentes principais. *Rev. Univ. Rural, Sér. Ci. Exatas e da Terra. Seropédica, RJ, EDUR*, v. 23, n. 1-2, p. 1-7. 2004.

RAIZER, A. J.; VENCovsky, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o estado de São Paulo. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.34, n.12, p.2241-2246, 1999.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. *Genética na agropecuária*. 4 ed. Lavras: UFLA, 464 p. 2008.

RAMALHO, M. A. P. SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 271p. 1993.

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

RIDESA, Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro. Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar / Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro. – Curitiba, 136 P. 2010.

ROACH, B. T. Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. *Proc. Austral. Soc. Sugar cane Technol.* 11: 34-47. 1989.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. *Pesq. Agropec. Brás.*, Brasília, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.

SAEG. Sistema para Análises Estatísticas, Versão 9.1: Fundação Arthur Bernardes - UFV - Viçosa, 2007.

SALLA, M. F. S.; RUAS, C. F.; RUAS, P. M.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V. Uso de marcadores moleculares na análise da variabilidade genética em acerola (*Malpighia emarginata* D.C.). Revista Brasileira de Fruticultura, v. 24, n. 01, p. 015-022, 2002.

SANTANA, M. S.; OLIVEIRA, F. J.; MELO, L. J. O. T. Correlações genéticas em alguns clones RB e em variedades de cana-de-açúcar. Rev. Bras. Ciênc. Agrár. Recife, v.5, n.4, p.460-467, 2010.

SANTANA, P. B. Desempenho agrônômico e tecnológico de variedades de cana-de-açúcar submetidas a diferentes lâminas de irrigação no Norte de Minas Gerais. 92 p. Dissertação (Mestrado/Produção Vegetal no Semiárido) – Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba, 2012.

SEGATO, S. V.; PEREIRA, L. L. Colheita da cana-de-açúcar: corte manual. In: SEGATO, S. V.; PINTO, A de S.; JENDIROBA, E.; NÓBREGA, J. C. M. de. Atualização em produção de cana-de-açúcar. Piracicaba: cp19, 2006.

SELVI, A.; NAIR, N.; NOYER, J. L.; SINGH, N. K.; BALASUNDARAM, N. et al. AFLP analysis of the phenetic organization and genetic diversity in the sugarcane complex, *Saccharum* and *Erianthus*. Genetic Res Crop Evol. 53(4):831–842. 2004.

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, Viçosa, MG, v. 1, n. 2, p. 135-143, 2001.

SILVA, P. P. Divergência genética em genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) através de caracteres morfoagronômicos e por marcadores moleculares. 96 f. Dissertação (mestrado em Agronomia: Produção Vegetal) – Universidade Federal de Alagoas. Centro de Ciências Agrárias. Rio Largo, 2006.

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

SILVA, L. C. Crescimento e acúmulo de nutrientes em sete cultivares de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) na região de Coruripe - AL. 2007. 88 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, 2007.

SILVA, M. A.; JERONIMO, E. M.; LÚCIO, A. D. Perfilhamento e produtividade de cana-de-açúcar com diferentes alturas de corte e épocas de colheita. Pesq. agropec. bras., Brasília, v.43, n.8, p.979-986, 2008.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIACÃO FILHO, C. J.; SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L. J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. Revista Brasileira de Ciências Agrárias. v.6, n.1, p.52-58, 2011.

SILVEIRA, L. C. I. da. Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. 60f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Curitiba. Universidade Federal do Paraná, 2011.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting divergence. *Indian Journal of Genetics and Plants Breeding*, New Deli, v.41, n.2, p.237-245, 1981.

SKINNER, J. C. Grading varieties for selection. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 12., 1965, San Juan. Proceedings. Amsterdam: International Society of Sugar Cane Technologists, p.938-949. 1967.

SKINNER, J. C.; HOGARTH, D. M.; WU, K. K. Selection methods, criteria and indices. In: HEINZ, D. J. (Ed.). *Sugarcane improvement through breeding*. Elsevier, Amsterdam, p.409-453. 1987.

SMITH. H. F. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugenics*, v. 7, p. 240-250, 1936.

SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. Numerical taxonomy: the principle and practice of numerical classification. San Francisco: W. H. Freeman, 573 p. 1973.

SNPC - SERVIÇO NACIONAL DE PROTEÇÃO DE CULTIVARES. Descritores mínimos de cana de açúcar (*Saccharum* sp.). 11 p. Diário Oficial da União de 05 de março de 1998.

SOUZA JR., C. L. Melhoramento de Espécies de Reprodução Vegetativa. Publicação Didática. Departamento de Genética, Piracicaba: Esalq/USP. 41 p. 1995.

SOUZA, P. H. N. DE; BASTOS, G. Q.; FILHO, C. J. DA A.; FILHO, J. DE A. D.; MACHADO, P. R. Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar para início de safra na Microrregião Centro de Pernambuco. *Revista Ceres*, v. 59, n.5, p. 677-683. 2012.

TAUPIER, L. O. G.; RODRÍGUES, G. G. A cana-de-açúcar. In: ICIDCA. Manual dos Derivados da Cana-de-Açúcar: diversificação, matérias-primas, derivados do bagaço, derivados do melaço, outros derivados, resíduos, energia. Brasília: ABIPTI, Cap. 2, p.21-27. 1999.

UKOSKIT, K.; THIPMONGKOLCHAROEN, P.; CHATWACHIRAWONG, P. Novel expressed sequence tag- simple sequence repeats (EST-SSR) markers characterized by new bioinformatic criteria reveal high genetic similarity in sugarcane (*Saccharum* spp.) breeding lines. vol. 11, Issue 6, 19, p. 1337-1363. 2012.

UNICA. União da Indústria de Cana-de-açúcar. Disponível em: <http://www.unica.com.br/faq/> Acesso em: 08 de agosto de 2013.

URATA, R. Seedling propagation and bunch size for field transplanting. *Hawaii. Sugar Plant. Assoc. Exp. Sta., Annu. Rep.* 1969. 12p. 1970.

VAN DILLEWIJN, C. Botany of sugarcane. Waltham: The Chronica Botanica, 371 p. 1952.

VERÍSSIMO, M. A. A.; SILVA, S. D. DOS A.; AIRES, R. F.; DAROS, E.; PANZIERA, W. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.47, n.4, p.561-568. 2012.

WIEDENFELD, B.; ENCISO, J. Sugarcane responses to irrigation and nitrogen in semiarid south Texas. *Agronomy Journal*, Madison, v. 100, n. 3, p. 665-671, 2008.

WIEDENFELD, R. P. Water stress during different sugarcane growth periods on yield and response to N fertilizer. *Agricultural Water Management*. *Elsevier*, v.43 p.173–182, 2000.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. *Biometrics*, North Carolina, v.18, p.375-393, 1962.

ANEXOS

Anexo A. Médias da característica Altura da Planta de 93 genótipos de cana-de-açúcar, estimadas a partir de quatro avaliações das parcelas de dois blocos, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação			Continuação		
RB96 5911	131,00	A	RB037191	100,77	A	SP77 5181	79,92	B
IM76/227	129,29	A	SP83 2847	100,54	A	RB858927	79,48	B
White Pararia	127,81	A	RB975138	100,40	A	RB855453	78,25	B
RB935621	124,88	A	RB98 5523	100,15	A	RB855113	76,50	B
RB96 6928	122,29	A	RB037246	100,13	A	RB037217	76,13	B
RB855046	122,04	A	RB975286	99,79	A	SP70 1143	76,10	B
RB867515	121,00	A	SP85-3877	99,23	A	RB937570	76,06	B
RB97 5932	120,65	A	RB928064	99,21	A	RB855036	74,21	B
RB987649	117,63	A	SP91-1049	98,69	A	SP71 6163	73,83	B
RB935744	117,42	A	CB49 15	98,46	A	RB947520	68,88	B
IAC87-3396	116,94	A	SP88 819	98,19	A	Cayana	60,67	B
RB037188	116,35	A	RB855035	97,90	A	SP71 1406	58,75	B
CB45 3	114,94	A	CB49 260	97,79	A	Média	98,81	
RB037176	114,71	A	IM76229	97,71	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
SP80 1816	114,23	A	RB997501	96,96	A			
RB835054	114,08	A	RB947625	96,79	A			
SP80 3280	113,40	A	SP81-1763	96,79	A			
H Kawan Dang 301	113,29	A	RB845257	96,12	A			
RB008344	111,83	A	NA56 76	95,32	B			
RB955971	111,17	A	RB92656	94,46	B			
RB97 5947	110,83	A	SP87 365	94,15	B			
RB825336	107,85	A	IAC86 2480	94,10	B			
RB037113	107,65	A	RB925211	93,48	B			
RB865230	106,77	A	RB935788	92,63	B			
RB987934	106,58	A	RB845197	92,21	B			
SP80 1836	106,46	A	RB835486	91,13	B			
RB037127	105,92	A	RB845210	90,35	B			
RB96 5902	105,88	A	CB47 355	89,73	B			
RB975019	105,40	A	Ganoa Cheni	89,04	B			
RB925345	105,21	A	RB03 7168	88,48	B			
Maneria	105,17	A	IJ76 293	87,83	B			
RB97 7512	105,00	A	SP86 42	87,69	B			
RB72454	104,50	A	SP81 3250	87,58	B			
RB988150	104,25	A	RB946022	87,42	B			
IAC86 2210	103,96	A	RB739735	87,21	B			
RB92579	102,88	A	RB855536	86,90	B			
RB95 7610	102,83	A	CB41 76	83,38	B			
IN84-73	102,77	A	SP79 1011	82,90	B			
RB93509	101,69	A	RB047157	82,50	B			
RB739359	100,90	A	RB037153	82,15	B			

Anexo B. Desdobramento da interação entre ciclo e genótipo a partir das médias da característica Altura da Planta de 93 genótipos de cana-de-açúcar, estimadas a partir de quatro avaliações das parcelas de dois blocos, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	CICLO			
	Cana Planta		Cana soca	
RB72454	99,50	A	109,50	A
RB739359	92,79	A	109,00	A
RB739735	76,29	A	98,12	A
RB825336	106,33	A	109,38	A
RB835054	124,79	A	103,38	A
RB835486	98,88	A	83,38	A
RB845197	98,17	A	86,25	A
RB845210	92,33	A	88,38	A
RB845257	102,96	A	89,38	A
RB855035	96,42	A	99,38	A
RB855036	84,04	A	64,38	A
RB855113	88,00	A	65,00	A
RB047157	98,75	A	66,25	A
RB855453	82,12	A	74,38	A
RB855536	81,92	A	91,88	A
RB858927	77,08	A	81,88	A
RB865230	105,42	A	108,12	A
RB867515	120,12	A	121,88	A
RB92579	103,25	A	102,50	A
RB928064	102,79	A	95,62	A
RB93509	94,00	A	109,38	A
RB935621	132,88	A	116,88	A
RB935744	131,71	A	103,12	A
RB935788	107,12	A	78,12	A
RB937570	88,38	A	63,75	A
RB946022	105,21	A	69,62	B
RB947520	90,25	A	47,50	B
RB947625	102,33	A	91,25	A
RB955971	112,08	A	110,25	A
RB95 7610	91,92	A	113,75	A
RB96 5902	96,75	A	115,00	A
RB96 5911	132,62	A	129,38	A
RB96 6928	126,46	A	118,12	A
RB97 5932	118,79	A	122,50	A
RB97 5947	120,54	A	101,12	A
RB97 7512	110,62	A	99,38	A
RB98 5523	107,42	A	92,88	A
RB03 7168	120,71	A	56,25	B
SP70 1143	100,96	A	51,25	B
SP71 1406	80,00	A	37,50	B
SP71 6163	79,29	A	68,38	A
SP77 5181	88,58	A	71,25	A
SP79 1011	77,67	A	88,12	A
SP80 1816	110,33	A	118,12	A
SP80 3280	127,42	A	99,38	A
SP80 1836	114,79	A	98,12	A
SP81 1763	127,33	A	66,25	B
SP81 3250	112,04	A	63,12	B

Continuação

SP83 2847	110,83	A	90,25	A
SP85 3877	104,08	A	94,38	A
SP86 42	98,50	A	76,88	A
SP87 365	113,29	A	75,00	B
SP91 1049	113,63	A	83,75	A
SP88 819	103,88	A	92,50	A
RB037217	92,00	A	60,25	A
CB41 76	98,62	A	68,12	A
CB45 3	114,25	A	115,62	A
CB47 355	94,46	A	85,00	A
CB49 260	100,33	A	95,25	A
CB49 15	93,17	A	103,75	A
RB925211	118,21	A	68,75	B
RB925345	133,54	A	76,88	B
RB92656	110,17	A	78,75	A
NA56 76	119,38	A	71,25	B
RB975019	122,67	A	88,12	A
RB975138	126,42	A	74,38	B
RB037191	119,67	A	81,88	B
RB975286	107,08	A	92,50	A
IAC86 2210	113,54	A	94,38	A
IAC86 2480	107,46	A	80,75	A
IAC87 3396	112,62	A	121,25	A
RB855046	124,71	A	119,38	A
IM76/227	122,33	A	136,25	A
RB987934	121,29	A	91,88	A
IJ76 293	114,42	A	61,25	B
White Pararia	128,50	A	127,12	A
IM76229	118,54	A	76,88	B
RB037246	112,75	A	87,50	A
RB008344	113,67	A	110,00	A
H KAWAN DANG 301	112,21	A	114,38	A
IN84-73	119,92	A	85,62	A
Maneria	112,83	A	97,50	A
RB987649	126,50	A	108,75	A
RB037188	122,71	A	110,00	A
RB037176	116,92	A	112,50	A
GANOA CHENI	115,58	A	62,50	B
CHIN	115,33	A	78,12	B
RB037153	106,17	A	58,12	B
CAYANA	86,58	A	34,75	B
RB988150	114,13	A	94,38	A
RB997501	127,42	A	66,50	B
RB037127	130,58	A	81,25	B
RB037113	116,79	A	98,50	A
Média	108,04		89,58	

Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Anexo C. Desdobramento da interação Genótipo*Avaliação para a característica Altura da Planta, estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	AVALIAÇÃO							
	1ª		2ª		3ª		4ª	
RB72454	69,83	D	89,42	C	112,08	B	146,67	A
RB739359	70,08	C	79,33	C	112,08	B	142,08	A
RB739735	52,58	C	67,08	C	97,92	B	131,25	A
RB825336	59,83	D	93,25	C	121,67	B	156,67	A
RB835054	83,42	B	87,50	B	137,08	A	148,33	A
RB835486	63,42	C	75,25	C	94,17	B	131,67	A
RB845197	54,17	D	74,25	C	107,92	B	132,50	A
RB845210	65,00	C	74,17	C	92,25	B	130,00	A
RB845257	65,67	C	77,33	C	97,50	B	144,17	A
RB855035	66,92	C	80,08	C	112,50	B	132,08	A
RB855036	37,92	C	63,92	B	93,33	A	101,67	A
RB855113	48,25	C	62,75	C	86,67	B	108,33	A
RB047157	54,33	C	59,42	C	97,08	B	119,17	A
RB855453	47,92	C	65,08	C	85,00	B	115,00	A
RB855536	53,58	C	67,75	C	102,92	B	123,33	A
RB858927	42,42	B	58,42	B	101,67	A	115,42	A
RB865230	66,42	D	94,00	C	124,17	B	142,50	A
RB867515	75,50	D	108,08	C	138,75	B	161,67	A
RB92579	60,83	D	91,92	C	113,33	B	145,42	A
RB928064	63,33	D	86,42	C	105,42	B	141,67	A
RB93509	63,67	D	85,58	C	110,83	B	146,67	A
RB935621	83,67	D	113,08	C	136,92	B	165,83	A
RB935744	86,17	C	96,83	C	132,50	B	154,17	A
RB935788	61,75	C	76,25	BC	93,33	BC	139,17	A
RB937570	44,83	C	64,42	B	81,25	B	113,75	A
RB946022	63,00	C	71,67	C	96,67	B	118,33	A
RB947520	42,75	C	59,42	BC	64,17	BC	109,17	A
RB947625	56,83	D	82,00	C	100,83	B	147,50	A
RB955971	70,25	D	89,42	C	129,17	B	155,83	A
RB95 7610	56,58	C	81,83	B	133,33	A	139,58	A
RB96 5902	64,92	D	85,25	C	124,17	B	149,17	A
RB96 5911	85,92	C	111,83	B	161,25	A	165,00	A
RB96 6928	87,33	C	100,17	C	136,67	B	165,00	A
RB97 5932	86,92	C	101,92	C	126,67	B	167,08	A
RB97 5947	73,58	D	96,83	C	117,08	B	155,83	A
RB97 7512	76,50	C	87,17	C	113,42	B	142,92	A
RB98 5523	63,08	C	79,58	C	112,08	B	145,83	A
RB03 7168	60,58	C	68,75	C	97,92	B	126,67	A
SP70 1143	46,83	C	62,75	BC	79,00	BC	115,83	A
SP71 1406	35,17	C	46,67	BC	60,67	BC	92,50	A

Continuação

SP71 6163	40,83	D	59,50	C	79,17	B	115,83	A
SP77 5181	46,67	C	60,92	C	91,25	B	120,83	A
SP79 1011	51,67	C	65,75	C	94,17	B	120,00	A
SP80 1816	75,42	D	93,58	C	131,25	B	156,67	A
SP80 3280	72,75	C	87,92	C	130,42	B	162,50	A
SP80 1836	78,92	C	95,83	BC	111,92	BC	139,17	A
SP81 1763	74,25	C	80,83	C	99,58	B	132,50	A
SP81 3250	60,33	C	71,67	C	92,50	B	125,83	A
SP83 2847	67,17	C	83,33	C	103,33	B	148,33	A
SP85 3877	74,42	C	81,67	C	106,67	B	134,17	A
SP86 42	56,08	C	73,00	C	96,67	B	125,00	A
SP87 365	69,33	C	84,75	BC	94,17	BC	128,33	A
SP91 1049	59,92	D	85,25	C	109,58	B	140,00	A
SP88 819	67,67	C	83,00	C	108,75	B	133,33	A
RB037217	50,08	C	60,67	C	80,00	B	113,75	A
CB41 76	53,92	C	65,83	C	90,42	B	123,33	A
CB45 3	75,00	D	99,75	C	123,33	B	161,67	A
CB47 355	57,00	C	76,50	B	90,42	B	135,00	A
CB49 260	68,50	C	89,75	B	94,58	B	138,33	A
CB49 15	60,42	D	83,00	C	108,75	B	141,67	A
RB925211	78,50	B	78,33	B	90,42	B	126,67	A
RB925345	81,92	B	91,83	B	102,08	B	145,00	A
RB92656	72,17	C	83,58	BC	93,75	BC	128,33	A
NA56 76	68,17	C	80,17	C	106,25	B	126,67	A
RB975019	74,75	C	92,67	B	106,67	B	147,50	A
RB975138	68,83	C	82,33	C	102,92	B	147,50	A
RB037191	68,00	B	84,25	B	120,42	A	130,42	A
RB975286	57,25	C	84,83	B	125,42	A	131,67	A
IAC86 2210	74,00	C	96,42	B	132,92	A	112,50	B
IAC86 2480	59,58	B	75,58	B	112,92	A	128,33	A
IAC87 3396	77,50	D	101,92	C	134,17	B	154,17	A
RB855046	83,08	D	108,83	C	135,42	B	160,83	A
IM76/227	108,00	B	126,67	B	127,50	B	155,00	A
RB987934	67,08	D	90,92	C	125,00	B	143,33	A
IJ76 293	68,75	B	65,08	B	82,50	B	135,00	A
White Pararia	92,92	D	117,50	C	139,17	B	161,67	A
IM76229	69,25	C	87,00	B	97,92	B	136,67	A
RB037246	69,92	C	78,92	C	106,67	B	145,00	A
RB008344	90,75	C	88,67	C	122,92	B	145,00	A
H KAWAN DANG 301	63,17	D	97,50	C	155,00	A	137,50	B
IN84-73	67,33	C	91,25	B	124,17	A	128,33	A
Maneria	64,58	C	87,75	B	130,00	A	138,33	A
RB987649	76,75	C	95,83	B	146,25	A	151,67	A
RB037188	69,58	C	88,33	B	146,67	A	160,83	A

Continuação

RB037176	60,67	C	101,92	B	142,92	A	153,33	A
GANOA CHENI	60,75	B	73,33	B	107,08	A	115,00	A
CHIN	63,00	D	81,83	C	108,75	B	133,33	A
RB037153	52,50	B	67,75	B	98,33	A	110,00	A
CAYANA	48,08	B	41,67	B	72,92	A	80,00	A
RB988150	66,42	D	93,08	C	120,00	B	137,50	A
RB997501	78,25	C	73,33	C	96,25	B	140,00	A
RB037127	65,58	C	90,17	B	126,25	A	141,67	A
RB037113	69,50	C	91,92	B	129,17	A	140,00	A
Média	65,68		82,69		110,18		136,67	

Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Anexo D. Médias da característica Diâmetro do Colmo de 93 genótipos de cana-de-açúcar, estimadas a partir de quatro avaliações das parcelas de dois blocos, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação			Continuação		
RB867515	2,70	A	RB97 7512	2,27	A	RB937570	2,01	B
RB72454	2,62	A	SP88 819	2,27	A	CAYANA	2,00	B
RB739359	2,56	A	CB49 15	2,26	A	SP77 5181	1,99	B
IAC87 3396	2,55	A	RB98 5523	2,26	A	SP81 1763	1,99	B
SP85 3877	2,50	A	IAC86 2480	2,25	A	RB855036	1,98	B
RB855046	2,48	A	RB987649	2,25	A	IM76/227	1,97	B
RB935744	2,47	A	RB845210	2,24	A	RB008344	1,94	B
RB835486	2,46	A	RB855035	2,24	A	CB41 76	1,91	B
RB037191	2,45	A	RB946022	2,23	A	CHIN	1,91	B
CB45 3	2,44	A	RB988150	2,23	A	SP71 6163	1,90	B
RB92579	2,44	A	SP80 1836	2,21	A	SP70 1143	1,89	B
RB97 5932	2,44	A	RB925345	2,20	A	SP71 1406	1,86	B
RB037188	2,43	A	RB947625	2,20	A	GANOA CHENI	1,72	C
RB928064	2,42	A	RB03 7168	2,19	A	IN84-73	1,60	C
RB037176	2,41	A	RB96 5902	2,19	A	Maneria	1,58	C
RB96 5911	2,41	A	SP83 2847	2,18	A	IM76229	1,45	C
RB935621	2,40	A	RB997501	2,17	A	IJ76 293	1,33	C
RB855453	2,39	A	RB95 7610	2,16	A	Média	2,19	
RB93509	2,39	A	RB955971	2,16	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
RB987934	2,39	A	CB49 260	2,13	B			
RB975019	2,38	A	SP80 3280	2,13	B			
RB825336	2,36	A	SP91 1049	2,13	B			
RB835054	2,35	A	IAC86 2210	2,12	B			
RB975138	2,35	A	NA56 76	2,11	B			
RB975286	2,34	A	RB845257	2,11	B			
SP87 365	2,32	A	RB935788	2,11	B			
SP80 1816	2,31	A	RB925211	2,10	B			
RB92656	2,30	A	SP79 1011	2,10	B			
CB47 355	2,29	A	RB855536	2,06	B			
RB037217	2,29	A	SP86 42	2,06	B			
RB865230	2,29	A	RB855113	2,05	B			
RB96 6928	2,29	A	SP81 3250	2,05	B			
RB97 5947	2,29	A	RB037153	2,04	B			
RB037113	2,28	A	RB858927	2,04	B			
RB739735	2,28	A	RB047157	2,03	B			
RB845197	2,28	A	RB037127	2,02	B			
H KAWAN DANG 301	2,27	A	RB947520	2,02	B			
RB037246	2,27	A	White Pararia	2,02	B			

Anexo E. Desdobramento da interação Ciclo*Genótipo para a característica Diâmetro do Colmo (cm), estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	CICLO			
	Cana Planta		Cana Soca	
RB72454	2,89	A	2,35	A
RB739359	2,85	A	2,28	B
RB739735	2,60	A	1,95	B
RB825336	2,75	A	1,98	B
RB835054	2,91	A	1,79	B
RB835486	2,96	A	1,96	B
RB845197	2,62	A	1,94	B
RB845210	2,67	A	1,81	B
RB845257	2,44	A	1,77	B
RB855035	2,56	A	1,92	B
RB855036	2,54	A	1,41	B
RB855113	2,53	A	1,56	B
RB047157	2,59	A	1,46	B
RB855453	2,81	A	1,96	B
RB855536	2,24	A	1,89	A
RB858927	2,50	A	1,58	B
RB865230	2,45	A	2,14	A
RB867515	3,25	A	2,14	B
RB92579	2,97	A	1,91	B
RB928064	2,82	A	2,03	B
RB93509	2,52	A	2,26	A
RB935621	2,72	A	2,07	B
RB935744	2,85	A	2,10	B
RB935788	2,60	A	1,62	B
RB937570	2,62	A	1,40	B
RB946022	2,80	A	1,66	B
RB947520	2,62	A	1,42	B
RB947625	2,63	A	1,76	B
RB955971	2,49	A	1,82	B
RB95 7610	2,29	A	2,03	A
RB96 5902	2,35	A	2,03	A
RB96 5911	2,77	A	2,06	B
RB96 6928	2,61	A	1,98	B
RB97 5932	2,75	A	2,14	B
RB97 5947	2,75	A	1,84	B
RB97 7512	2,77	A	1,77	B
RB98 5523	2,70	A	1,82	B
RB03 7168	2,96	A	1,41	B
SP70 1143	2,30	A	1,49	B
SP71 1406	2,61	A	1,11	B
SP71 6163	2,29	A	1,51	B
SP77 5181	2,46	A	1,53	B
SP79 1011	2,39	A	1,81	B
SP80 1816	2,82	A	1,80	B
SP80 3280	2,61	A	1,64	B
SP80 1836	2,80	A	1,62	B
SP81 1763	2,59	A	1,39	B
SP81 3250	2,72	A	1,37	B

Continuação

SP83 2847	2,68	A	1,68	B
SP85 3877	3,07	A	1,94	B
SP86 42	2,53	A	1,59	B
SP87 365	2,81	A	1,83	B
SP91 1049	2,50	A	1,76	B
SP88 819	2,58	A	1,96	B
RB037217	3,02	A	1,56	B
CB41 76	2,47	A	1,35	B
CB45 3	2,74	A	2,15	B
CB47 355	2,88	A	1,71	B
CB49 260	2,42	A	1,85	B
CB49 15	2,55	A	1,96	B
RB925211	2,56	A	1,65	B
RB925345	2,73	A	1,67	B
RB92656	2,81	A	1,79	B
NA56 76	2,63	A	1,59	B
RB975019	2,85	A	1,91	B
RB975138	3,06	A	1,65	B
RB037191	3,00	A	1,90	B
RB975286	2,60	A	2,09	A
IAC86 2210	2,44	A	1,79	B
IAC86 2480	2,88	A	1,62	B
IAC87 3396	2,90	A	2,21	B
RB855046	2,90	A	2,06	B
IM76/227	1,92	A	2,01	A
RB987934	2,78	A	2,00	B
IJ76 293	1,48	A	1,19	A
White Pararia	2,03	A	2,01	A
IM76229	1,52	A	1,39	A
RB037246	2,67	A	1,87	B
RB008344	1,81	A	2,08	A
H KAWAN DANG 301	2,39	A	2,15	A
IN84-73	1,72	A	1,48	A
Maneria	1,56	A	1,60	A
RB987649	2,48	A	2,01	A
RB037188	2,68	A	2,17	A
RB037176	2,69	A	2,14	B
GANOA CHENI	2,01	A	1,44	B
CHIN	2,13	A	1,69	A
RB037153	2,48	A	1,60	B
CAYANA	2,66	A	1,35	B
RB988150	2,59	A	1,88	B
RB997501	2,69	A	1,65	B
RB037127	2,36	A	1,67	B
RB037113	2,58	A	1,99	B
Média	2,58		1,79	

Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Anexo F. Médias da característica Número de Perfilhos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, estimadas a partir de quatro avaliações das parcelas de dois blocos, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação		Continuação	
White Pararia	40	A	SP87 365	22 C	IN84-73	17 D
CB49 15	35	A	GANOA CHENI	21 C	SP81 1763	17 D
SP88 819	34	A	RB037127	21 C	CB41 76	16 D
Maneria	33	A	RB855113	21 C	RB047157	16 D
RB865230	33	A	RB92579	21 C	RB835486	16 D
RB037188	31	A	RB935788	21 C	RB947625	16 D
H KAWAN DANG 301	30	A	CB47 355	20 C	RB97 7512	16 D
RB845197	28	B	CB49 260	20 C	RB997501	16 D
RB037176	27	B	IJ76 293	20 C	NA56 76	15 D
RB93509	27	B	RB72454	20 C	RB97 5947	15 D
RB855046	27	B	RB845210	20 C	RB037217	14 D
CB45 3	26	B	RB925211	20 C	RB835054	14 D
RB928064	26	B	RB935744	20 C	RB937570	13 D
IM76/227	25	B	RB96 5902	20 C	SP71 1406	13 D
RB037153	25	B	RB97 5932	20 C	SP77 5181	13 D
RB935621	25	B	RB987934	20 C	RB855453	12 D
RB988150	25	B	SP71 6163	20 C	CAYANA	8 D
SP80 3280	25	B	SP80 1816	20 C	Média	21
SP86 42	25	B	RB03 7168	19 C	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.	
IAC86 2210	24	B	RB739359	19 C		
IAC86 2480	24	B	RB739735	19 C		
IAC87 3396	24	B	RB855035	19 C		
RB037113	24	B	RB858927	19 C		
RB825336	24	B	RB867515	19 C		
RB95 7610	24	B	RB925345	19 C		
RB987649	24	B	RB955971	19 C		
SP85 3877	24	B	RB96 5911	19 C		
CHIN	23	B	RB96 6928	19 C		
RB845257	23	B	RB975019	19 C		
RB855036	23	B	RB975138	19 C		
RB975286	23	B	SP81 3250	19 C		
RB98 5523	23	B	RB037191	18 C		
SP70 1143	23	B	RB92656	18 C		
SP80 1836	23	B	RB946022	18 C		
RB037246	22	C	RB947520	18 C		
RB855536	22	C	SP79 1011	18 C		
RB008344	22	C	SP91 1049	18 C		
SP83 2847	22	C	IM76229	17 D		

Anexo G. Desdobramento da interação Ciclo*Genótipo para a característica Número de Perfilhos, estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	CICLO			
	Cana Planta		Cana Soca	
RB72454	24	A	17	A
RB739359	17	A	21	A
RB739735	17	A	21	A
RB825336	21	A	26	A
RB835054	15	A	14	A
RB835486	17	A	15	A
RB845197	27	A	29	A
RB845210	19	A	21	A
RB845257	22	A	24	A
RB855035	19	A	19	A
RB855036	25	A	22	A
RB855113	20	A	23	A
RB047157	16	A	16	A
RB855453	12	A	12	A
RB855536	23	A	22	A
RB858927	19	A	19	A
RB865230	30	A	37	A
RB867515	17	A	21	A
RB92579	22	A	19	A
RB928064	25	A	27	A
RB93509	27	A	28	A
RB935621	26	A	24	A
RB935744	17	A	24	A
RB935788	21	A	21	A
RB937570	15	A	12	A
RB946022	17	A	18	A
RB947520	19	A	17	A
RB947625	19	A	14	A
RB955971	19	A	19	A
RB95 7610	23	A	25	A
RB96 5902	20	A	21	A
RB96 5911	20	A	18	A
RB96 6928	18	A	20	A
RB97 5932	21	A	20	A
RB97 5947	15	A	16	A
RB97 7512	16	A	16	A
RB98 5523	21	A	25	A
RB03 7168	19	A	19	A
SP70 1143	27	A	19	A
SP71 1406	14	A	12	A
SP71 6163	25	A	16	A
SP77 5181	12	A	14	A
SP79 1011	19	A	17	A
SP80 1816	17	A	22	A
SP80 3280	24	A	26	A
SP80 1836	21	A	25	A
SP81 1763	17	A	18	A
SP81 3250	21	A	17	A

Continuação

SP83 2847	23	A	21	A
SP85 3877	23	A	25	A
SP86 42	24	A	26	A
SP87 365	21	A	23	A
SP91 1049	18	A	19	A
SP88 819	36	A	33	A
RB037217	19	A	10	B
CB41 76	16	A	15	A
CB45 3	23	A	30	A
CB47 355	23	A	18	A
CB49 260	20	A	21	A
CB49 15	38	A	33	A
RB925211	24	A	16	A
RB925345	22	A	16	A
RB92656	22	A	15	A
NA56 76	18	A	13	A
RB975019	20	A	18	A
RB975138	21	A	16	A
RB037191	17	A	19	A
RB975286	32	A	14	B
IAC86 2210	27	A	20	A
IAC86 2480	31	A	17	B
IAC87 3396	24	A	24	A
RB855046	26	A	29	A
IM76/227	20	B	31	A
RB987934	24	A	16	A
IJ76 293	24	A	16	A
White Pararia	34	B	46	A
IM76229	17	A	18	A
RB037246	22	A	21	A
RB008344	17	B	26	A
H KAWAN DANG 301	31	A	29	A
IN84-73	22	A	12	B
Maneria	29	A	37	A
RB987649	23	A	24	A
RB037188	32	A	30	A
RB037176	25	A	29	A
GANOA CHENI	26	A	17	A
CHIN	22	A	23	A
RB037153	30	A	20	B
CAYANA	9	A	6	A
RB988150	26	A	23	A
RB997501	23	A	8	B
RB037127	20	A	21	A
RB037113	22	A	26	A
Média	22		21	

Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Anexo H. Desdobramento da interação Avaliação*Genótipo para a característica Número de Perfilhos, estimados a partir das parcelas de dois blocos de 93 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em quatro avaliações anuais, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	AVALIAÇÃO							
	1ª		2ª		3ª		4ª	
RB72454	17	A	23	A	21	A	21	A
RB739359	16	A	24	A	18	A	19	A
RB739735	14	A	23	A	18	A	20	A
RB825336	22	A	28	A	23	A	22	A
RB835054	15	A	15	A	11	A	17	A
RB835486	17	A	18	A	13	A	18	A
RB845197	28	AB	33	AB	24	B	27	AB
RB845210	23	A	21	A	16	A	22	A
RB845257	20	A	28	A	23	A	21	A
RB855035	17	B	24	A	17	AB	17	AB
RB855036	21	B	29	AB	20	B	23	AB
RB855113	20	A	26	A	20	A	20	A
RB047157	14	A	16	A	15	A	17	A
RB855453	10	A	16	A	9	A	13	A
RB855536	23	A	25	A	19	A	23	A
RB858927	25	AB	19	AB	13	B	20	AB
RB865230	31	AB	39	AB	37	AB	27	B
RB867515	17	A	22	A	17	A	19	A
RB92579	19	A	26	A	18	A	20	A
RB928064	27	A	29	A	24	A	24	A
RB93509	26	A	32	A	24	A	27	A
RB935621	24	B	31	A	22	B	23	B
RB935744	19	A	24	A	20	A	19	A
RB935788	20	A	25	A	18	A	22	A
RB937570	11	A	14	A	11	A	16	A
RB946022	16	A	20	A	16	A	18	A
RB947520	22	A	16	A	15	A	20	A
RB947625	17	A	16	A	14	A	19	A
RB955971	16	B	24	AB	17	AB	19	AB
RB95 7610	21	B	32	A	22	B	22	B
RB96 5902	19	A	24	A	18	A	19	A
RB96 5911	18	A	21	A	20	A	19	A
RB96 6928	19	A	20	A	17	A	20	A
RB97 5932	18	A	24	A	20	A	20	A
RB97 5947	16	A	17	A	15	A	14	A
RB97 7512	17	A	18	A	13	A	15	A
RB98 5523	22	B	30	A	20	B	19	B
RB03 7168	19	A	23	A	16	A	18	A
SP70 1143	22	B	29	A	19	B	22	AB
SP71 1406	14	A	13	A	12	A	14	A
SP71 6163	23	A	22	A	15	A	21	A
SP77 5181	9	A	18	A	11	A	15	A
SP79 1011	15	A	23	A	14	A	22	A
SP80 1816	24	A	20	A	16	A	20	A
SP80 3280	24	A	29	A	23	A	25	A
SP80 1836	26	A	27	A	18	A	21	A
SP81 1763	21	A	20	A	13	A	16	A
SP81 3250	20	AB	24	AB	16	B	17	AB

Continuação

SP83 2847	22	A	26	A	18	A	21	A
SP85 3877	21	B	30	AB	23	AB	22	AB
SP86 42	21	B	30	AB	26	AB	25	AB
SP87 365	21	A	26	A	22	A	20	A
SP91 1049	17	A	21	A	17	A	19	A
SP88 819	30	B	42	A	34	B	33	B
RB037217	17	A	14	A	9	A	16	A
CB41 76	15	A	17	A	13	A	17	A
CB45 3	25	B	33	A	24	B	25	B
CB47 355	19	AB	26	AB	16	B	22	AB
CB49 260	21	A	24	A	16	A	21	A
CB49 15	34	B	43	A	32	B	32	B
RB925211	22	A	22	A	18	A	19	A
RB925345	18	A	21	A	18	A	20	A
RB92656	18	A	20	A	16	A	20	A
NA56 76	16	A	15	A	14	A	17	A
RB975019	18	AB	24	AB	15	B	18	AB
RB975138	19	A	22	A	16	A	19	A
RB037191	21	A	19	A	14	A	19	A
RB975286	25	A	25	A	17	B	27	A
IAC86 2210	25	AB	30	AB	18	B	22	B
IAC86 2480	22	A	26	A	23	A	25	A
IAC87 3396	23	A	29	A	21	A	25	A
RB855046	28	A	31	A	25	A	26	A
IM76/227	22	A	26	A	28	A	25	A
RB987934	23	A	22	A	16	A	19	A
IJ76 293	26	A	17	B	17	B	19	B
White Pararia	29	B	51	A	48	A	34	B
IM76229	16	A	19	A	17	A	17	A
RB037246	22	A	26	A	19	A	21	A
RB008344	17	A	25	A	25	A	19	A
H KAWAN DANG 301	29	A	35	A	30	A	27	A
IN84-73	14	A	20	A	17	A	17	A
Maneria	26	B	42	A	33	B	30	B
RB987649	22	B	29	A	22	AB	22	AB
RB037188	38	A	37	A	25	B	23	B
RB037176	33	A	27	B	26	AB	22	B
GANOA CHENI	24	A	23	A	20	A	19	A
CHIN	26	A	25	A	20	A	19	A
RB037153	30	A	28	A	20	B	22	B
CAYANA	7	A	7	A	6	A	11	A
RB988150	26	A	28	A	21	A	23	A
RB997501	14	A	16	A	13	A	19	A
RB037127	20	A	23	A	22	A	18	A
RB037113	28	A	26	A	22	A	21	A
Média	21		25		19		21	

Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Newman Keuls a 5% de probabilidade.

Anexo I. Valores médios da característica Massa do Colmo (gramas), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias		Continuação		
IAC87-3396	1386,64	A	RB935621	1032,63	B
RB72454	1371,59	A	RB966928	1027,11	B
RB975138	1349,66	A	CB47-355	1026,20	B
RB935744	1344,77	A	CB49-15	1018,59	B
RB867515	1330,11	A	RB855036	1016,31	B
RB975932	1304,44	A	RB845257	998,65	B
RB965911	1289,72	A	SP91-1049	997,76	B
SP85-3877	1245,13	A	RB739735	996,60	B
RB855046	1239,09	A	SP79-1011	995,46	B
RB92656	1228,88	A	RB037246	987,92	B
RB037176	1217,57	A	RB037168	983,22	B
SP80-3280	1214,39	A	RB835486	978,01	B
RB739359	1213,05	A	RB037188	962,73	B
RB925345	1211,54	A	RB037191	955,80	B
SP80-1836	1208,10	A	SP77-5181	954,59	B
RB975019	1207,70	A	RB855536	938,85	B
RB957610	1203,88	A	RB855035	911,35	A
SP83-2847	1201,97	A	RB92579	904,29	C
RB855453	1200,22	A	SP87-365	901,96	C
RB928064	1197,73	A	RB925211	882,91	C
RB947520	1157,58	A	RB987649	874,96	C
RB985523	1154,65	A	CB49-260	863,10	C
RB865230	1154,33	A	RB955971	861,53	C
RB965902	1134,19	B	RB037113	851,98	C
SP81-1763	1122,12	B	H KAWAN DANG 301	824,61	C
RB845210	1116,44	B	RB008344	770,21	C
RB845197	1114,50	B	SP88-819	765,85	C
RB047157	1107,46	B	IM76/227	691,29	C
RB975947	1107,32	B	IJ76-293	673,23	C
RB93509	1099,63	B	White Pararia	590,26	D
RB935788	1089,83	B	IM76229	462,29	D
SP86-42	1088,51	B	IN84-73	397,82	D
RB825336	1081,27	B	Maneria	390,37	D
SP80-1816	1075,60	B	Média	1034,90	
RB037127	1073,47	B	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
RB987934	1049,80	B			
CB41-76	1048,51	B			
IAC86-2210	1044,62	B			

Anexo J. Médias da característica Massa de Ponteira (MP), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias	SK	Continuação		
RB975932	280,50	A	SP80-1816	201,12	B
RB975138	269,02	A	IAC86-2210	197,80	B
CB49-15	267,85	A	SP80-3280	196,54	B
RB037176	256,27	A	RB855536	195,59	B
RB928064	253,95	A	RB975019	193,93	B
RB845197	251,62	A	White Pararia	193,80	B
IAC87-3396	250,46	A	SP77-5181	193,26	B
RB965902	249,56	A	RB845257	190,67	B
RB72454	245,84	A	RB925211	190,35	B
RB835486	244,17	A	SP91-1049	187,38	B
RB935788	233,43	A	SP86-42	187,37	B
RB935744	232,28	A	RB037188	186,11	B
CB41-76	232,09	A	RB739359	185,04	B
SP85-3877	229,60	A	H KAWAN DANG 301	184,83	B
RB855046	229,28	A	SP81-1763	181,09	B
RB047157	227,20	A	RB966928	179,89	B
RB93509	227,11	A	RB825336	179,31	B
RB867515	225,57	A	RB008344	178,89	B
RB957610	223,90	A	RB037113	177,12	B
RB947520	223,21	A	RB92579	177,05	B
RB925345	222,97	A	CB49-260	175,03	B
SP83-2847	218,22	A	SP79-1011	171,44	B
RB935621	216,04	A	RB037246	169,41	B
SP87-365	213,76	A	IJ76-293	169,36	B
CB47-355	212,99	A	RB987649	168,15	B
SP80-1836	212,98	A	SP88-819	165,33	B
RB92656	209,72	B	RB037191	158,31	B
RB739735	209,39	B	IM76229	148,47	B
RB965911	208,47	B	IN84-73	136,63	B
IM76/227	207,38	B	Maneria	122,23	B
RB955971	207,18	B	Média	205,23	
RB037127	206,07	B	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
RB037168	205,86	B			
RB985523	205,82	B			
RB975947	205,17	B			
RB865230	203,12	B			
RB855036	202,52	B			
RB987934	201,62	B			
RB845210	201,44	B			
RB855035	194,41	B			

Anexo K. Médias da característica Massa Fresca de dois Entrenós Medianos (MFE), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias	SK	Continuação		
SP85-3877	145,16	A	RB845197	110,96	A
RB72454	144,56	A	SP80-1836	109,95	A
RB957610	143,00	A	RB037168	109,23	A
RB975138	142,08	A	RB93509	109,18	A
RB739735	140,83	A	RB925345	109,12	A
RB935744	138,60	A	RB845257	108,14	A
CB47-355	136,44	A	RB845210	108,02	A
RB867515	136,32	A	RB855536	106,88	A
RB037176	135,05	A	RB987934	106,06	A
RB975019	132,87	A	RB966928	105,70	A
RB855453	131,68	A	RB037246	102,03	A
IAC87-3396	130,51	A	RB955971	101,23	A
RB965902	130,23	A	RB825336	97,07	A
RB935788	129,84	A	RB037191	96,93	A
RB739359	129,48	A	RB855036	96,74	A
RB92656	124,29	A	RB037127	96,57	A
SP83-2847	124,25	A	RB987649	96,17	A
RB865230	124,11	A	RB037188	95,09	A
CB41-76	123,07	A	RB92579	94,90	A
RB947520	121,64	A	RB835486	94,75	A
RB985523	121,64	A	H KAWAN DANG 301	93,40	A
RB975932	120,55	A	RB855035	92,86	A
RB965911	119,27	A	SP88-819	92,33	A
SP80-3280	119,15	A	SP87-365	92,06	A
IAC86-2210	118,55	A	CB49-260	90,01	A
RB928064	118,48	A	RB037113	88,74	A
SP86-42	117,79	A	RB008344	65,96	B
RB925211	116,47	A	White Pararia	61,45	B
RB975947	116,41	A	IM76/227	55,22	B
SP81-1763	116,32	A	IJ76-293	51,45	B
SP79-1011	116,05	A	Maneria	36,20	B
SP91-1049	115,75	A	IN84-73	35,11	B
RB935621	115,52	A	IM76229	32,65	B
RB855046	114,63	A	Média	108,50	
CB49-15	113,64	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
SP77-5181	113,11	A			
SP80-1816	112,14	A			
RB047157	112,07	A			

Anexo L. Médias da característica Massa Fresca de dois Nós Medianos (MFN), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias	SK	Continuação		
RB867515	25,04	A	RB037188	17,29	A
RB72454	24,03	A	RB975947	17,23	A
CB47-355	22,83	A	SP91-1049	17,09	A
RB935744	22,66	A	RB855536	16,96	A
RB855453	22,04	A	SP87-365	16,88	A
RB947520	21,94	A	RB845257	16,81	A
RB037176	21,94	A	RB92579	16,74	A
RB92656	21,82	A	IAC86-2210	16,47	B
RB855046	21,82	A	RB935621	16,31	B
RB975138	21,36	A	RB975019	16,31	B
SP81-1763	21,26	A	SP80-1816	16,27	B
RB739735	20,70	A	RB987649	15,95	B
RB928064	20,62	A	H KAWAN DANG 301	15,83	B
RB935788	20,28	A	RB037246	15,79	B
SP85-3877	20,28	A	White Pararia	15,57	B
IAC87-3396	20,22	A	RB855035	15,52	B
RB739359	20,18	A	RB037113	14,81	B
RB047157	19,94	A	RB037191	14,79	B
RB975932	19,75	A	RB925211	14,64	B
RB957610	19,71	A	RB955971	14,42	B
RB93509	19,68	A	CB49-260	14,21	B
SP80-1836	19,56	A	SP88-819	14,00	B
RB965902	19,41	A	RB008344	12,84	B
RB845197	19,36	A	IM76/227	11,80	B
RB845210	19,21	A	IJ76-293	10,12	C
RB925345	19,12	A	IN84-73	8,13	C
SP83-2847	19,09	A	Maneria	7,24	C
SP80-3280	18,98	A	IM76229	5,81	C
CB49-15	18,80	A	Média	17,76	
RB987934	18,71	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
SP79-1011	18,62	A			
SP77-5181	18,55	A			
RB865230	18,38	A			
RB037127	18,18	A			
CB41-76	17,94	A			
RB855036	17,92	A			
RB985523	17,88	A			
RB825336	17,79	A			
RB037168	17,68	A			
RB835486	17,67	A			
RB966928	17,61	A			
RB965911	17,51	A			

Anexo M. Médias da característica Massa Seca de dois Entrenós Medianos (MSE), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias	SK	Continuação		
RB957610	41,29	A	RB928064	28,96	A
RB72454	40,51	A	RB037127	28,81	A
SP85-3877	40,49	A	RB955971	28,68	A
RB855453	38,37	A	RB855536	28,67	A
RB975019	38,28	A	RB845210	27,90	A
RB739735	37,82	A	RB987649	27,57	B
RB935744	37,39	A	RB987934	27,33	B
RB975138	36,02	A	RB93509	27,32	B
SP83-2847	35,82	A	RB037191	27,07	B
RB965902	35,73	A	RB037246	26,67	B
RB867515	35,47	A	RB825336	26,05	B
SP80-3280	34,80	A	CB49-15	25,41	B
RB739359	34,67	A	RB855036	25,18	B
RB037176	34,52	A	RB855035	25,04	B
IAC87-3396	34,26	A	RB92579	24,95	B
RB965911	33,92	A	RB835486	24,93	B
RB92656	33,81	A	RB037113	24,93	B
RB975932	33,77	A	RB037188	24,64	B
RB975947	33,48	A	H KAWAN DANG 301	24,59	B
RB947520	33,40	A	SP88-819	23,80	B
SP91-1049	33,39	A	CB49-260	23,66	B
RB935788	33,26	A	SP87-365	23,06	B
RB845257	33,24	A	RB008344	18,94	C
RB865230	33,21	A	White Pararia	17,98	C
RB925345	32,50	A	IM76/227	17,18	C
RB985523	32,48	A	IJ76-293	14,72	C
SP80-1816	32,47	A	Maneria	11,65	C
SP81-1763	32,45	A	IN84-73	9,95	C
SP79-1011	32,29	A	IM76229	9,70	C
IAC86-2210	32,28	A	Média	29,49	
RB935621	32,22	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
SP86-42	32,06	A			
SP77-5181	32,02	A			
RB047157	31,45	A			
CB47-355	30,35	A			
RB037168	30,28	A			
RB855046	29,96	A			
RB966928	29,91	A			
SP80-1836	29,77	A			
RB845197	29,75	A			
CB41-76	29,60	A			
RB925211	29,38	A			

Anexo N. Médias da característica Massa Seca de dois Nós Medianos (MSN), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias	SK	Continuação		
RB867515	7,66	A	RB825336	5,37	A
RB72454	7,27	A	RB975019	5,36	A
RB855453	7,14	A	RB037168	5,21	A
RB935744	6,58	A	RB835486	5,19	A
SP81-1763	6,45	A	RB845257	5,19	A
RB975932	6,42	A	SP80-1816	5,19	A
SP85-3877	6,42	A	RB987649	5,09	A
RB92656	6,41	A	RB037188	5,08	A
RB947520	6,40	A	CB49-15	5,01	A
RB037176	6,33	A	CB41-76	4,96	A
RB925345	6,23	A	RB855536	4,95	A
RB855046	6,22	A	IAC86-2210	4,95	A
RB957610	6,18	A	RB855035	4,79	B
SP80-3280	6,14	A	H KAWAN DANG 301	4,78	B
RB739735	6,07	A	RB92579	4,77	B
SP80-1836	6,07	A	RB037113	4,70	B
RB928064	6,01	A	RB955971	4,60	B
RB739359	6,00	A	RB935621	4,58	B
RB965902	5,98	A	SP87-365	4,58	B
RB047157	5,98	A	RB037191	4,46	B
SP83-2847	5,92	A	RB037246	4,46	B
RB845197	5,85	A	RB925211	4,18	B
RB975138	5,84	A	RB008344	4,04	B
SP86-42	5,83	A	CB49-260	4,03	B
RB935788	5,79	A	IM76/227	4,02	B
IAC87-3396	5,78	A	SP88-819	3,80	B
RB93509	5,75	A	White Pararia	3,53	B
RB965911	5,74	A	IJ76-293	3,13	C
RB037127	5,73	A	Maneria	2,53	C
CB47-355	5,64	A	IN84-73	2,52	C
RB865230	5,55	A	IM76229	1,91	C
SP79-1011	5,55	A	Média	5,32	
RB987934	5,54	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
SP77-5181	5,50	A			
RB985523	5,49	A			
SP91-1049	5,47	A			
RB966928	5,44	A			
RB845210	5,43	A			
RB855036	5,41	A			
RB975947	5,41	A			

Anexo O. Médias da característica Brix Médio (BM), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias	SK	Continuação		
RB925345	19,4	A	RB975932	17,0	B
SP91-1049	19,4	A	RB985523	16,7	B
IAC86-2210	19,3	A	RB925211	16,6	B
RB975947	19,2	A	RB975138	16,6	B
RB966928	19,1	A	RB037188	16,6	B
SP80-3280	19,0	A	RB855036	16,5	B
SP80-1816	18,9	A	RB865230	16,5	B
RB975019	18,9	A	RB845197	16,3	B
RB955971	18,8	A	RB845210	16,3	B
SP80-1836	18,7	A	RB935744	16,3	B
SP81-1763	18,7	A	CB49-260	16,3	B
RB855453	18,5	A	RB987649	16,1	B
RB037113	18,5	A	RB037246	16,1	B
RB92579	18,4	A	RB93509	16,0	B
RB957610	18,4	A	CB41-76	16,0	B
RB965902	18,4	A	CB47-355	15,7	B
IAC87-3396	18,4	A	RB047157	15,7	B
SP83-2847	18,2	A	RB935788	15,5	B
SP88-819	18,2	A	RB987934	15,5	B
RB935621	18,1	A	H KAWAN DANG 301	15,0	B
SP77-5181	18,1	A	CB49-15	14,4	C
RB965911	18,0	A	White Pararia	14,1	C
RB037168	18,0	A	RB008344	12,3	D
RB72454	17,9	A	Maneria	12,0	D
RB855035	17,8	A	IM76/227	11,6	D
RB855536	17,8	A	IJ76-293	11,2	D
SP79-1011	17,7	A	IN84-73	9,8	E
RB855046	17,7	A	IM76229	9,4	E
RB037191	17,7	A	Média	16,8	
RB835486	17,6	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
RB845257	17,6	A			
RB867515	17,6	A			
SP87-365	17,5	A			
RB928064	17,4	B			
RB739359	17,3	B			
SP86-42	17,3	B			
RB92656	17,3	B			
RB739735	17,1	B			
RB825336	17,1	B			
RB947520	17,1	B			
SP85-3877	17,1	B			
RB037176	17,1	B			
RB037127	17,1	B			

Anexo P. Valores médios do número de perfilhos (NP), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENOTIPO	Médias	SK	Continuação		
White Pararia	28	A	RB867515	13	C
Maneria	26	A	RB92579	13	C
SP88-819	24	A	RB935744	13	C
IM76/227	22	A	RB935788	13	C
RB865230	21	B	CB41-76	13	C
IJ76-293	19	B	CB49-260	13	C
RB008344	19	B	RB739735	12	C
RB845257	18	B	RB845210	12	C
RB987649	18	B	RB855036	12	C
H Kawan Dang 301	18	B	RB855536	12	C
RB825336	17	B	RB955971	12	C
RB845197	17	B	RB966928	12	C
RB93509	17	B	RB975932	12	C
SP87-365	17	B	RB985523	12	C
RB855046	17	B	SP77-5181	12	C
RB037188	17	B	SP79-1011	12	C
RB037127	17	B	SP80-1816	12	C
RB935621	16	B	SP83-2847	12	C
SP86-42	16	B	RB037176	12	C
RB925345	16	C	RB975947	11	C
IAC87-3396	16	C	SP81-1763	11	C
RB037246	16	C	RB92656	11	C
RB72454	15	C	RB855035	10	C
RB965902	15	C	RB975019	10	C
SP80-3280	15	C	RB975138	10	C
CB49-15	15	C	RB047157	10	C
RB925211	15	C	RB835486	9	C
IAC86-2210	15	C	RB855453	9	C
RB037113	15	C	RB947520	9	C
RB739359	14	C	Média	14	
RB928064	14	C	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.		
RB965911	14	C			
SP80-1836	14	C			
SP85-3877	14	C			
CB47-355	14	C			
RB987934	14	C			
IM76229	14	C			
IN84-73	14	C			
RB037191	14	C			
RB957610	13	C			
SP91-1049	13	C			
RB037168	13	C			

Anexo Q. Médias de Toneladas de Colmo por hectare (TCH), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Genótipo	Médias	SK	Continuação		Continuação			
RB865230	168,53	A	White Pararia	103,21	A	RB975019	78,17	B
IAC87-3396	145,19	A	RB928064	102,52	A	RB955971	78,15	B
SP85-3877	145,11	A	SP86-42	101,88	A	RB037113	77,45	B
RB855046	142,20	A	RB867515	99,93	A	SP81-1763	76,09	B
RB93509	130,54	A	RB985523	99,72	A	RB975947	74,24	B
SP80-3280	130,22	A	RB037246	98,76	A	RB92579	73,46	B
RB975932	125,23	A	IAC86-2210	96,80	A	Maneria	67,89	B
RB72454	123,99	A	SP80-1816	96,65	A	RB947520	65,33	B
RB965911	123,53	A	IM76/227	95,71	A	RB855453	60,90	B
CB49-15	123,21	A	RB975138	93,43	B	RB855035	58,07	B
RB935744	118,75	A	RB037127	93,40	B	RB037168	54,80	B
SP88-819	117,26	A	CB47-355	91,36	B	RB835486	53,95	B
RB845257	113,61	A	SP80-1836	90,97	B	IJ76-293	52,57	B
RB739359	111,38	A	CB41-76	90,57	B	IM76229	30,42	B
RB825336	110,28	A	RB92656	90,33	B	IN84-73	28,52	B
RB935621	108,81	A	RB935788	87,93	B	Média	95,42	
RB957610	108,43	A	RB855536	87,28	B	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.		
RB987934	108,33	A	RB925211	86,82	B			
RB037188	108,18	A	RB037191	85,94	B			
RB845197	108,04	A	RB845210	85,02	B			
SP83-2847	108,00	A	SP79-1011	84,20	B			
RB037176	107,91	A	SP91-1049	83,23	B			
H Kawan Dang 301	107,78	A	RB855036	82,77	B			
RB987649	105,71	A	RB739735	81,71	B			
RB925345	105,58	A	CB49-260	79,37	B			
RB008344	105,33	A	RB966928	78,85	B			
SP87-365	105,32	A	RB047157	78,58	B			

Anexo R. Médias de Toneladas de Ponteiros por hectare (TPH), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Genótipo	Médias	SK	Continuação	Continuação
White Pararia	36,0	A	RB987934	20,3 C
CB49-15	32,0	A	SP83-2847	19,9 C
RB865230	30,9	A	RB935788	19,5 C
RB93509	30,5	A	CB41-76	19,4 C
IM76/227	30,2	A	RB987649	18,9 C
RB855046	28,7	A	CB47-355	18,8 C
IAC87-3396	28,4	A	RB037127	18,7 C
SP87-365	27,7	A	RB965911	18,6 C
RB845197	27,3	A	RB975138	18,5 C
RB975932	26,0	B	RB925211	18,4 C
SP85-3877	25,5	B	RB955971	18,3 C
RB037176	25,3	B	RB739359	18,1 C
RB008344	25,1	B	RB855536	17,9 C
H Kawan Dang 301	24,6	B	RB985523	17,5 C
RB72454	24,5	B	RB739735	17,3 C
SP88-819	23,9	B	RB037246	17,0 C
RB845257	23,3	B	RB867515	16,9 C
SP86-42	22,8	B	SP80-1816	16,9 C
RB965902	22,7	B	IJ76-293	16,9 C
RB935621	22,4	B	SP80-1836	16,6 C
RB928064	22,2	B	RB037113	16,6 C
Maneria	21,9	B	RB855036	16,5 C
SP80-3280	21,6	B	RB047157	16,3 C
RB957610	21,3	C	CB49-260	16,2 C
RB037188	21,0	C	RB92656	16,2 C
RB825336	20,7	C	SP91-1049	15,7 C
RB935744	20,7	C	RB845210	15,6 C
IAC86-2210	20,7	C	SP79-1011	14,2 C
RB925345	20,4	C	RB037191	14,1 C
			Média	19,7

Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Anexo S. Médias de Percentagem de água no colmo (%AC), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

Genótipo	Corte		Médias	SK
	Maio	Novembro		
CB47-355	78,5 a	75,1 b	76,8	A
CB41-76	77,9 a	72,9 b	75,4	A
CB49-15	78,3 a	72,2 b	75,2	A
SP87-365	77,9 a	71,7 b	74,8	A
RB975138	76,7 a	72,5 b	74,6	A
RB93509	77,9 a	70,3 b	74,1	A
RB845210	76,3 a	71,8 b	74	A
RB935788	77,9 a	70,1 b	74	A
RB928064	77,2 a	70,5 b	73,8	A
RB925211	77,1 a	70,6 b	73,8	A
SP88-819	75,6 a	71,8 b	73,7	A
RB037176	75 a	72 b	73,5	A
RB855536	75,1 a	71,8 b	73,4	A
RB92579	76,8 a	70,1 b	73,4	A
RB855036	75 a	71,6 b	73,3	A
RB987934	74,7 a	71,9 b	73,3	A
RB835486	75,7 a	70,7 b	73,2	A
RB739735	75,2 a	71,1 b	73,1	A
RB865230	75,6 a	70,7 b	73,1	A
RB037246	76,7 a	69,5 b	73,1	A
RB845197	76,5 a	69,6 b	73	A
RB947520	75,9 a	69,7 b	72,8	A
RB855046	74,3 a	71,3 b	72,8	A
RB037188	74,8 a	70,9 b	72,8	A
RB739359	75,1 a	70,2 b	72,7	A
RB985523	74 a	71,5 b	72,7	A
IM76229	73,8 a	71,6 b	72,7	A
RB935744	73,9 a	71,4 b	72,6	A
CB49-260	73,7 a	71,6 b	72,6	A
SP79-1011	75 a	69,6 b	72,3	A
SP85-3877	72,7 a	71,9 b	72,3	A
RB92656	72,4 a	72,2 b	72,3	A
RB825336	73,3 a	71,1 b	72,2	A
RB867515	76,3 a	68 b	72,2	A
IAC86-2210	73,6 a	70,9 b	72,2	A
SP80-1836	72,9 a	71,1 b	72,0	A
SP86-42	73,9 a	70,1 b	72,0	A
RB72454	73,6 a	70,1 a	71,9	A
RB855035	74 a	69,8 b	71,9	A

Continuação

IAC87-3396	72,8	a	71,1	b	71,9	A
RB037168	73,2	a	70,6	b	71,9	A
H Kawan Dang 301	72	a	71,9	b	71,9	A
RB935621	73,4	a	69,6	b	71,5	B
RB855453	73,5	a	69,3	b	71,4	B
RB965902	71,7	a	71,1	b	71,4	B
RB966928	72,1	a	70,5	b	71,3	B
SP77-5181	73,6	a	68,8	b	71,2	B
SP80-3280	71,9	a	70,3	b	71	B
RB047157	74,3	a	67,8	b	71	B
RB965911	72,3	a	69,6	b	70,9	B
RB037113	71,8	a	70	b	70,9	B
RB975019	72,3	a	69,3	b	70,8	B
RB037127	71	a	70,7	b	70,8	B
RB037191	71,3	a	70	b	70,7	B
RB955971	72,7	a	68,5	b	70,6	B
RB957610	71,5	a	69,7	b	70,6	B
SP91-1049	71,5	a	69,6	b	70,6	B
RB975932	71,5	a	69,5	b	70,5	B
IJ76-293	74,1	a	66,8	b	70,5	B
White Pararia	71	a	70,1	b	70,5	B
SP83-2847	74,2	a	66,3	b	70,3	B
RB987649	72,4	a	67,9	b	70,2	B
RB975947	71,9	a	68,2	b	70,1	B
RB925345	72,8	a	67,2	b	70	B
RB845257	69,6	a	69,3	b	69,5	B
SP80-1816	70,5	a	67,9	b	69,2	B
IN84-73	71	a	66,8	b	68,9	B
SP81-1763	70,5	a	67	b	68,7	B
RB008344	68	a	67,9	b	68	B
IM76/227	69,8	a	63,8	b	66,8	B
Maneria	71,1	a	62,4	b	66,7	B
Média	73,8		70,0		71,9	

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na coluna e minúsculas na linha, indicam diferença significativa entre os genótipos e entre os cortes dentro de genótipos, respectivamente, pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Anexo T. Médias de Tonelada de água de água no colmo (TACH), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação			Continuação		
RB865230	123,3	A	White Pararia	73,6	A	RB047157	55,5	B
SP85-3877	105,4	A	RB985523	73,3	A	RB92579	54,4	B
IAC87-3396	105,1	A	RB925345	73,3	A	SP81-1763	53,8	B
RB855046	104,5	A	RB008344	72,8	A	RB975947	52,1	B
RB93509	96,6	A	RB037246	72,4	A	RB947520	47,5	B
CB49-15	93,1	A	CB47-355	70,8	A	Maneria	45,1	B
SP80-3280	92,3	A	IAC86-2210	70,7	A	RB855453	43,2	B
RB72454	89,2	A	RB975138	69,5	A	RB855035	42,0	B
RB975932	88,9	A	CB41-76	67,9	B	RB037168	40,0	B
RB965911	88,1	A	SP80-1816	67,4	B	RB835486	39,7	B
SP88-819	87,1	A	SP80-1836	66,2	B	IJ76-293	37,0	B
RB935744	86,2	A	RB037127	65,4	B	IM76229	21,8	B
RB987934	81,2	A	RB92656	65,3	B	IN84-73	19,4	B
RB739359	81,0	A	RB935788	65,1	B	Média	68,95	
RB825336	80,2	A	RB925211	64,4	B	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.		
RB037176	79,9	A	RB855536	64,2	B			
RB037188	79,7	A	IM76/227	63,6	B			
RB845197	79,0	A	RB845210	62,3	B			
RB935621	78,9	A	RB855036	60,9	B			
H Kawan Dang 301	78,8	A	RB037191	60,7	B			
SP87-365	78,7	A	SP79-1011	60,6	B			
RB928064	77,2	A	RB739735	59,4	B			
RB845257	77,0	A	SP91-1049	58,9	B			
RB957610	76,5	A	CB49-260	58,1	B			
RB987649	74,8	A	RB966928	56,2	B			
SP86-42	74,2	A	RB975019	55,7	B			
SP83-2847	74,1	A	RB955971	55,6	B			
RB965902	74,0	A	SP77-5181	55,6	B			
RB867515	73,8	A	RB037113	55,6	B			

Anexo U. Médias da estimativa da produção de Bagaço (PB) em toneladas por hectare, estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	GENÓTIPO	Médias	SK
IM76/227	25,5	A	RB037191	11,0	B
RB008344	20,1	A	RB935788	10,8	B
RB865230	19,8	A	RB867515	10,8	B
RB845257	19,8	A	SP88-819	10,7	B
White Pararia	17,9	A	RB845210	10,3	B
SP85-3877	17,8	A	RB855036	10,1	B
RB975932	17,3	A	SP791011	9,8	B
Maneria	17,0	A	SP80-1836	9,7	B
SP83-2847	16,8	A	SP91-1049	9,7	B
IAC87-3396	16,7	A	SP87-365	9,7	B
RB935744	16,3	A	RB925211	9,6	B
RB965911	16,1	A	SP81-1763	9,6	B
RB93509	15,8	A	RB855536	9,6	B
RB72454	15,4	A	RB975019	9,5	B
RB855046	15,3	A	RB975138	9,5	B
RB825336	15,1	A	RB928064	9,4	B
RB008336	14,7	A	RB966928	9,4	B
CB49-15	14,3	A	SP775181	9,4	B
RB957610	14,2	A	CB49-260	9,4	B
RB037127	14,1	A	RB037113	9,4	B
SP80-3280	13,8	A	RB739735	9,3	B
RB845197	13,6	A	CB41-76	9,2	B
RB935621	13,1	B	RB975947	9,0	B
SP80-1816	12,9	B	RB955971	8,9	B
RB965902	12,8	B	IAC86-2210	8,6	B
RB925345	12,8	B	CB47-355	7,9	B
RB739359	12,4	B	RB947520	7,9	B
H Kawan Dang 301	12,3	B	RB855453	7,7	B
RB037176	12,0	B	RB855035	7,1	B
RB985523	11,9	B	IN84-73	7,1	B
SP86-42	11,9	B	RB92579	6,8	B
RB037246	11,8	B	IM76229	6,4	B
IJ76-293	11,7	B	RB037168	5,7	B
RB037188	11,6	B	RB835486	5,6	B
RB987934	11,4	B			
RB047157	11,2	B			
RB92656	11,1	B			
			Média	12,0	

Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Anexo V. Médias de Teor de Massa Seca no Colmo (MSC), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Novembro		Maio		Médias	SK
RB72454	0,30	a	0,26	a	0,28	B
RB739359	0,30	a	0,25	b	0,27	B
RB739735	0,29	a	0,25	b	0,27	B
RB825336	0,29	a	0,27	b	0,28	B
RB835486	0,29	a	0,24	b	0,27	B
RB845197	0,30	a	0,23	b	0,27	B
RB845210	0,28	a	0,24	b	0,26	B
RB845257	0,31	a	0,30	b	0,31	A
RB855035	0,30	a	0,26	b	0,28	B
RB855036	0,28	a	0,25	b	0,27	B
RB855453	0,31	a	0,27	b	0,29	A
RB855536	0,28	a	0,25	b	0,27	B
RB865230	0,29	a	0,24	b	0,27	B
RB867515	0,32	a	0,24	b	0,28	B
RB92579	0,30	a	0,23	b	0,27	B
RB928064	0,30	a	0,23	b	0,26	B
RB93509	0,30	a	0,22	b	0,26	B
RB935621	0,30	a	0,27	b	0,29	A
RB935744	0,29	a	0,26	b	0,27	B
RB935788	0,30	a	0,22	b	0,26	B
RB947520	0,30	a	0,24	b	0,27	B
RB955971	0,31	a	0,27	b	0,29	A
RB957610	0,30	a	0,28	b	0,29	A
RB965902	0,29	a	0,28	b	0,29	A
RB965911	0,30	a	0,28	b	0,29	A
RB966928	0,29	a	0,28	b	0,29	A
RB975932	0,30	a	0,28	b	0,29	A
RB975947	0,32	a	0,28	b	0,30	A
RB985523	0,29	a	0,26	b	0,27	B
SP77-5181	0,31	a	0,26	b	0,29	A
SP79-1011	0,30	a	0,25	b	0,28	B
SP80-1816	0,32	a	0,29	b	0,31	A
SP80-3280	0,30	a	0,28	b	0,29	A
SP80-1836	0,29	a	0,27	b	0,28	B
SP81-1763	0,33	a	0,30	b	0,31	A
SP83-2847	0,34	a	0,26	b	0,30	A
SP85-3877	0,28	a	0,27	b	0,28	B
SP86-42	0,30	a	0,26	b	0,28	B
SP87-365	0,28	a	0,22	b	0,25	B

Continuação

SP91-1049	0,30	a	0,28	b	0,29	A
SP88-819	0,28	a	0,24	b	0,26	B
CB41-76	0,27	a	0,22	b	0,25	B
CB47-355	0,25	a	0,21	b	0,23	B
CB49-260	0,28	a	0,26	b	0,27	B
CB49-15	0,28	a	0,22	b	0,25	B
RB925211	0,29	a	0,23	b	0,26	B
RB925345	0,33	a	0,27	b	0,30	A
RB92656	0,28	a	0,28	b	0,28	B
RB975019	0,31	a	0,28	b	0,29	A
RB975138	0,28	a	0,23	b	0,25	B
IAC86-2210	0,29	a	0,26	b	0,28	B
IAC87-3396	0,29	a	0,27	b	0,28	B
RB855046	0,29	a	0,26	b	0,27	B
IM76/227	0,36	a	0,30	b	0,33	A
RB987934	0,28	a	0,25	b	0,27	B
IJ76-293	0,33	a	0,26	b	0,30	A
IM76229	0,28	a	0,26	b	0,27	B
RB008344	0,32	a	0,32	b	0,32	A
IN84-73	0,33	a	0,29	b	0,31	A
RB987649	0,32	a	0,28	b	0,30	A
RB037188	0,29	a	0,25	b	0,27	B
RB037176	0,28	a	0,25	b	0,26	B
RB037127	0,29	a	0,29	b	0,29	A
RB037113	0,30	a	0,28	b	0,29	A
RB047157	0,32	a	0,26	b	0,29	A
RB037168	0,29	a	0,27	b	0,28	B
RB037191	0,30	a	0,29	b	0,29	A
RB037246	0,31	a	0,23	b	0,27	B
White Pararia	0,30	a	0,29	b	0,29	A
H Kawan Dang 301	0,28	a	0,28	b	0,28	B
Maneria	0,38	a	0,29	b	0,33	A
Média	0,30		0,26		0,28	

Médias seguidas de letras diferentes, maiúsculas na coluna e minúsculas na linha, indicam diferença significativa entre os genótipos e entre os cortes dentro de genótipos, respectivamente, pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Anexo W. Médias de Tonelada de Massa Verde Total por hectare (TMVH), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação			Continuação		
RB865230	199,4	A	SP86-42	124,6	A	SP81-1763	89,1	B
IAC87-3396	173,6	A	RB987649	124,6	A	RB92579	87,4	B
RB855046	171,0	A	IAC86-2210	117,5	A	RB975947	87,3	B
SP85-3877	170,6	A	RB985523	117,3	A	RB947520	78,6	B
RB93509	161,0	A	RB867515	116,8	A	RB855453	73,0	B
CB49-15	155,2	A	RB037246	115,7	A	RB855035	70,7	B
SP80-3280	151,8	A	SP80-1816	113,5	B	IJ76-293	69,5	B
RB975932	151,2	A	RB037127	112,1	B	RB835486	67,7	B
RB72454	148,5	A	RB975138	111,9	B	RB037168	66,8	B
RB965911	142,2	A	CB47-355	110,1	B	IM76229	41,5	B
SP88-819	141,2	A	CB41-76	109,9	B	IN84-73	39,6	B
RB935744	139,4	A	RB935788	107,5	B	Média	115,1	
White Pararia	139,2	A	SP80-1836	107,5	B	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.		
RB845257	136,9	A	RB92656	106,5	B			
RB845197	135,4	A	RB925211	105,3	B			
RB037176	133,2	A	RB855536	105,2	B			
SP87-365	133,1	A	RB845210	100,6	B			
H Kawan Dang 301	132,4	A	RB037191	100,0	B			
RB935621	131,2	A	RB855036	99,2	B			
RB825336	131,0	A	RB739735	99,0	B			
RB008344	130,4	A	SP91-1049	98,9	B			
RB957610	129,7	A	SP79-1011	98,4	B			
RB739359	129,5	A	RB955971	96,4	B			
RB037188	129,1	A	CB49-260	95,6	B			
RB987934	128,7	A	RB047157	94,8	B			
SP83-2847	127,9	A	RB037113	94,1	B			
RB965902	126,0	A	SP77-5181	92,4	B			
RB925345	126,0	A	RB966928	91,9	B			
IM76/227	125,9	A	RB975019	90,1	B			
RB928064	124,7	A	Maneria	89,8	B			

Anexo X. Médias de Tonelada de Massa seca Total por hectare (TMSH), estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação	Continuação
RB845257	11,87	A	RB867515	6,42 B
RB72454	11,33	A	RB985523	6,38 B
RB865230	11,02	A	RB987934	6,33 B
IM76/227	10,63	A	RB92656	6,30 B
SP83-2847	10,16	A	RB037188	6,97 B
SP85-3877	10,02	A	SP86-42	6,95 B
SP80-3280	10,00	A	SP88-819	6,89 B
IAC87-3396	9,96	A	RB037191	6,64 B
RB975932	9,68	A	RB037176	6,63 B
RB008344	9,61	A	RB037246	6,60 B
RB965911	9,22	A	RB867515	6,42 B
RB855046	9,14	A	RB985523	6,38 B
RB925345	8,69	A	RB987934	6,33 B
RB957610	8,47	A	RB92656	6,30 B
RB825336	8,37	A	RB047157	6,25 B
RB987649	8,31	A	SP91-1049	6,25 B
RB935744	8,25	A	IAC86-2210	6,20 B
RB93509	8,24	A	SP87-365	6,10 B
White Pararia	8,17	A	SP80-1836	6,06 B
SP80-1816	7,97	A	SP79-1011	6,01 B
RB037127	7,85	A	SP77-5181	5,90 B
RB965902	7,56	A	SP81-1763	5,88 B
RB935621	7,51	A	RB966928	5,86 B
Maneria	7,49	A	RB975019	5,84 B
RB739359	7,45	A	RB928064	5,83 B
RB845197	7,32	B	RB975947	5,81 B
H Kawan Dang 301	7,21	B	RB955971	5,80 B
CB49-15	6,99	B	RB845210	5,62 B
RB037188	6,97	B	RB037113	5,59 B
SP86-42	6,95	B	RB935788	5,59 B
SP88-819	6,89	B	RB975138	5,56 B
RB037191	6,64	B	RB855536	5,50 B
RB037176	6,63	B	RB739735	5,47 B
RB037246	6,60	B	RB925211	5,42 B

Média 6,84
Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Anexo Y. Médias da relação Colmo/Palmito, estimadas a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação			Continuação		
SP85-3877	8,5	A	RB855536	5,7	A	RB835486	4,5	B
RB739359	6,8	A	RB957610	5,7	A	RB037176	4,5	B
RB965911	6,6	A	SP83-2847	5,7	A	H Kawan Dang 301	4,5	B
SP80-3280	6,6	A	RB975138	5,7	A	RB965902	4,4	B
RB037191	6,6	A	RB935621	5,6	A	CB49-15	4,3	B
SP79-1011	6,5	A	CB47-355	5,6	A	RB008344	4,3	B
RB966928	6,4	A	RB92579	5,5	A	SP87-365	4,2	B
SP80-1836	6,4	A	SP86-42	5,5	A	IM76/227	3,6	B
SP81-1763	6,4	A	RB987934	5,5	A	White Pararia	3,5	B
RB975019	6,4	A	RB928064	5,4	A	Maneria	3,4	B
RB935744	6,3	A	SP88-819	5,4	A	IJ76-293	3,2	B
SP80-1816	6,3	A	RB925345	5,4	A	IM76229	3,1	B
RB825336	6,2	A	RB037168	5,4	A	IN84-73	2,8	B
RB865230	6,1	A	RB855035	5,3	A	Média	5,4	
RB867515	6,1	A	SP91-1049	5,3	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.		
RB947520	6,1	A	RB855453	5,2	A			
RB037246	6,1	A	IAC86-2210	5,2	A			
RB975947	6,0	A	RB855046	5,2	A			
RB845257	5,9	A	RB047157	5,1	B			
RB985523	5,9	A	RB739735	5,0	B			
CB49-260	5,9	A	RB93509	5,0	B			
RB72454	5,8	A	RB925211	5,0	B			
RB845210	5,8	A	RB855036	4,9	B			
SP77-5181	5,8	A	RB955971	4,9	B			
RB92656	5,8	A	RB975932	4,8	B			
IAC87-3396	5,8	A	CB41-76	4,8	B			
RB987649	5,8	A	RB037113	4,8	B			
RB037188	5,7	A	RB845197	4,7	B			
RB037127	5,7	A	RB935788	4,7	B			

Anexo Z. Valores médios da relação Entrenó/Nó, estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação			Continuação		
RB72454	9,5	A	RB935788	6,3	B	RB947520	5,6	C
RB925211	8,6	A	RB935744	6,2	C	RB92656	5,6	C
RB975019	8,1	A	SP88-819	6,2	C	H Kawan Dang 301	5,6	C
RB957610	7,1	B	IM76229	6,2	C	RB835486	5,4	C
RB955971	7,0	B	RB855536	6,1	C	SP87-365	5,4	C
RB985523	7,0	B	RB975932	6,1	C	RB037188	5,4	C
SP85-3877	7,0	B	CB49-15	6,1	C	RB037127	5,4	C
RB975138	7,0	B	IAC87-3396	6,1	C	RB825336	5,3	C
IAC86-2210	7,0	B	RB855046	6,1	C	RB987934	5,3	C
RB975947	6,9	B	RB855035	6,0	C	White Pararia	5,3	C
SP79-1011	6,9	B	RB93509	6,0	C	RB008344	5,1	C
SP83-2847	6,9	B	CB47-355	6,0	C	SP81-1763	5,0	C
RB739735	6,8	B	RB037176	6,0	C	Maneria	4,6	C
SP80-1816	6,8	B	RB845210	5,9	C	IM76/227	4,3	C
CB49-260	6,8	B	RB966928	5,9	C	IN84-73	3,9	C
RB037191	6,8	B	RB845197	5,8	C	Média	6,2	
RB935621	6,7	B	RB92579	5,8	C	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.		
SP91-1049	6,7	B	RB928064	5,8	C			
RB865230	6,6	B	SP86-42	5,8	C			
RB965902	6,6	B	RB925345	5,8	C			
RB965911	6,6	B	RB037113	5,8	C			
RB739359	6,5	B	RB855036	5,7	C			
SP80-3280	6,5	B	RB867515	5,7	C			
CB41-76	6,5	B	SP77-5181	5,7	C			
RB037168	6,5	B	SP80-1836	5,7	C			
RB845257	6,4	B	IJ76-293	5,7	C			
RB855453	6,4	B	RB047157	5,7	C			
RB037246	6,3	B	RB987649	5,6	C			

Anexo AA. Valores médios da característica tonelada de caldo por hectare (TCaH), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	Continuação		Continuação	
RB865230	148,7	A	IAC86-2210	88,2	A	RB975019 66,1 B
IAC87-3396	128,5	A	RB985523	87,8	A	RB975947 65,3 B
SP85-3877	127,3	A	RB037246	86,9	A	RB947520 57,4 B
RB855046	126,9	A	White Pararia	85,3	A	RB855453 57,0 B
RB72454	118,4	A	RB008344	85,2	A	RB855035 51,0 B
RB93509	114,7	A	RB975138	83,9	A	Maneria 50,9 B
CB49-15	108,9	A	SP80-1816	83,8	A	RB037168 49,1 B
RB975932	107,9	A	CB47-355	83,5	A	RB835486 48,3 B
RB965911	107,4	A	CB41-76	81,4	B	IJ76-293 40,9 B
SP88-819	106,6	A	SP80-1836	81,3	B	IM76229 24,0 B
RB825336	105,5	A	RB037127	79,3	B	IN84-73 21,5 B
RB935744	102,4	A	RB92656	79,3	B	Media 83,4
RB739359	99,0	A	RB855536	77,7	B	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.
RB987934	97,0	A	RB925211	77,2	B	
RB037188	96,6	A	RB935788	77,1	B	
RB037176	95,9	A	RB037191	75,0	B	
RB935621	95,7	A	RB845210	74,7	B	
SP87-365	95,7	A	SP791011	74,4	B	
H Kawan Dang 301	95,5	A	SP91-1049	73,5	B	
SP80-3280	94,5	A	RB855036	72,6	B	
RB845197	94,5	A	RB739735	72,4	B	
RB957610	94,2	A	IM76/227	70,2	B	
RB845257	93,8	A	CB49-260	70,0	B	
RB928064	93,1	A	RB966928	69,4	B	
RB925345	92,8	A	RB955971	69,2	B	
SP83-2847	91,2	A	SP775181	68,9	B	
RB008336	91,0	A	RB037113	68,1	B	
RB965902	90,5	A	RB047157	67,4	B	
SP86-42	90,0	A	RB92579	66,7	B	
RB867515	89,2	A	SP81-1763	66,5	B	

Anexo AB. Valores médios da característica Sólidos Solúveis Totais em toneladas por hectare (SSTH), estimados a partir da colheita das parcelas de três blocos (com base em 12 colmos), de 71 genótipos de cana-de-açúcar, colhidos em dois cortes, nos ciclos de cana planta e cana soca.

GENÓTIPO	Médias	SK	GENÓTIPO	Médias	SK
RB865230	25,4	A	CB41-76	13,6	B
IAC87-3396	23,4	A	RB855536	13,5	B
RB855046	22,4	A	SP775181	13,3	B
RB72454	22,0	A	RB966928	13,3	B
SP85-3877	21,8	A	RB975947	13,1	B
RB925345	19,5	A	RB739735	13,1	B
SP88-819	19,5	A	RB925211	12,8	B
RB965911	19,3	A	SP81-1763	12,7	B
RB975932	19,0	A	CB47-355	12,7	B
RB93509	18,1	A	RB037113	12,5	B
RB739359	18,0	A	RB845210	12,4	B
RB825336	17,9	A	RB008344	12,4	B
RB957610	17,8	A	RB975019	12,4	B
IAC86-2210	17,5	A	RB92579	12,3	B
SP80-3280	17,3	A	RB935788	12,0	B
SP83-2847	17,1	A	RB047157	11,9	B
SP87-365	16,9	A	CB49-260	11,9	B
RB037188	16,9	A	RB855036	11,8	B
RB935621	16,8	A	White Pararia	11,7	B
RB845257	16,8	A	RB855453	11,1	B
H Kawan Dang 301	16,7	A	RB947520	10,0	B
RB965902	16,5	A	RB037168	9,1	B
SP80-1816	16,4	A	RB855035	8,9	B
RB008336	16,2	A	RB835486	8,6	B
RB935744	16,2	A	IM76-227	6,6	C
RB037176	16,0	A	Maneria	5,8	C
RB928064	15,9	A	IJ76-293	3,9	C
CB49-15	15,8	A	IM76-229	2,2	C
RB987934	15,8	A	IN84-73	2,1	C
SP86-42	15,7	A	Média	14,5	
RB845197	15,4	A	Desvio Padrão	4,4	
RB867515	15,4	A	Média + Desvio Padrão	18,8	
SP80-1836	15,1	A	Média – Desvio Padrão	10,1	
SP91-1049	14,6	A	Médias seguidas de letra diferentes diferem significativamente pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.		
RB037246	14,5	A			
RB975138	14,5	A			
RB985523	14,5	A			
RB037191	14,2	B			
RB92656	13,9	B			
RB037127	13,9	B			
SP791011	13,8	B			
RB955971	13,7	B			

Anexo AC. Distâncias dos níveis de fusão entre 97 genótipos de cana-de-açúcar obtidas pelo método UPGMA para estimação do valor referencial de corte (θ_k) no dendrograma com base em descritores morfológicos quantitativos por meio do Método de Mojena (1977), utilizando $k= 1,25$.

Estágio	Acesso x	Acesso y	Distância (α_j)	Distância (%)	θ_k
1	78	84	6.	33.2357	
2	85	92	7.	38.775	7.3839
3	31	67	7.	38.775	7.3884
4	30	32	7.	38.775	7.375
5	12	23	7.	38.775	7.359
6	1	11	7.	38.775	7.3436
7	77	85	7.5	41.5446	7.4909*
8	64	73	8.	44.3143	7.7662*
9	20	60	8.	44.3143	7.9321*
10	25	59	8.	44.3143	8.0433
11	40	52	8.	44.3143	8.1221
12	33	34	8.	44.3143	8.18
13	81	90	9.	49.8536	8.4547*
14	76	88	9.	49.8536	8.6524*
15	65	72	9.	49.8536	8.803*
16	45	70	9.	49.8536	8.9216*
17	53	62	9.	49.8536	9.0173
18	15	57	9.	49.8536	9.0957
19	35	50	9.	49.8536	9.1609
20	1	36	9.	49.8536	9.2156
21	16	28	9.	49.8536	9.262
22	12	26	9.	49.8536	9.3016
23	6	7	9.	49.8536	9.3356
24	38	78	9.5	52.6232	9.4157*
25	1	16	9.8333	54.4696	9.5232*
26	64	96	10.	55.3928	9.6354*
27	10	93	10.	55.3928	9.733*
28	25	71	10.	55.3928	9.8187*
29	37	69	10.	55.3928	9.8945*
30	43	68	10.	55.3928	9.9618*
31	31	63	10.	55.3928	10.0221
32	55	58	10.	55.3928	10.0762
33	48	49	10.	55.3928	10.125
34	3	41	10.	55.3928	10.1692
35	8	9	10.	55.3928	10.2093
36	2	5	10.	55.3928	10.2459
37	24	45	10.5	58.1625	10.3137*
38	42	43	10.5	58.1625	10.3756*
39	77	91	10.6667	59.0857	10.444*
40	12	35	10.6667	59.0857	10.5066*
41	27	94	11.	60.9321	10.5874*
42	54	89	11.	60.9321	10.6615*
43	21	87	11.	60.9321	10.7296*
44	74	76	11.	60.9321	10.7925*
45	20	64	11.	60.9321	10.8507*
46	4	29	11.	60.9321	10.9046*
47	1	30	11.2	62.04	10.9664*
48	2	33	11.25	62.3169	11.0267*

Continuação

49	38	81	11.5	63.7018	11.0975*
50	6	74	11.5	63.7018	11.1634*
51	31	65	11.6667	64.625	11.2343*
52	17	25	11.6667	64.625	11.3005*
53	17	66	11.75	65.0866	11.367*
54	77	86	12.	66.4714	11.4429*
55	38	83	12.	66.4714	11.514*
56	80	82	12.	66.4714	11.5806*
57	22	56	12.	66.4714	11.6431*
58	13	44	12.	66.4714	11.702*
59	1	18	12.	66.4714	11.7575*
60	14	24	12.3333	68.3178	11.8258*
61	20	31	12.48	69.1303	11.8974*
62	27	97	12.5	69.2411	11.9659*
63	40	46	12.5	69.2411	12.0306*
64	3	10	12.5	69.2411	12.0918*
65	1	38	12.9167	71.5491	12.1689*
66	12	42	12.9333	71.6414	12.2426*
67	15	95	13.	72.0107	12.3154*
68	51	61	13.	72.0107	12.3844*
69	8	55	13.	72.0107	12.4499*
70	20	37	13.1	72.5646	12.5163*
71	2	48	13.375	74.0879	12.5913*
72	14	15	13.4167	74.3187	12.6642*
73	1	6	13.4571	74.5429	12.7353*
74	8	17	13.6	75.3343	12.8088*
75	19	20	13.75	76.1652	12.8851*
76	12	40	13.9167	77.0884	12.9646*
77	2	3	14.25	78.9348	13.0544*
78	12	19	14.2867	79.1382	13.1413*
79	1	14	14.3534	79.5075	13.2268*
80	54	79	14.5	80.3196	13.3143*
81	2	12	14.55	80.5966	13.3998*
82	1	8	14.6667	81.2428	13.486*
83	2	27	15.0686	83.4694	13.5844*
84	77	80	15.2	84.1971	13.6835*
85	1	4	15.2	84.1971	13.7782*
86	51	53	15.25	84.4741	13.8705*
87	21	22	15.5	85.8589	13.9684*
88	2	13	15.6892	86.9069	14.0693*
89	1	2	15.7311	87.1391	14.1673*
90	21	51	16.0625	88.9748	14.2738*
91	1	75	16.9079	93.6576	14.4094*
92	54	77	17.1905	95.2229	14.5503*
93	21	39	17.25	95.5527	14.6869*
94	1	21	17.3882	96.318	14.8227*
95	1	47	17.6395	97.7104	14.9623*
96	1	54	18.0529	100.	15.1121*

Anexo AD. Grupos estabelecidos pela análise de agrupamento hierárquico (UPGMA) com base em descritores morfológicos qualitativos de 97 genótipos de cana-de-açúcar.

Grupo		Genótipos									
15	RB037127	RB037113	RB988150	RB739359	RB997501	IM76/227	Putrikhagee				
14	RB947520	RB947625	RB855113								
13	RB975019	RB975138	RB845210	CB47355	CB49-15	SP71-6163	SP79-1011				
12	SP80-1816	SP80-1842	RB845257	RB965911	RB966928						
11	RB037246	RB987931	RB825336	RB037191	RB975286	SP80-3280	SP80-1836	SP80-1836	RB867515		
10	Ganoa Cheni	RB037153	RB739735	Maneria	RB987649	RB037217	CB45-3	SP83-2847	SP85-3877	RB957610	
9	SP81-1763	SP81-3250	RB855035	RB92579	RB928064						
8	RB72454	Chin	H Kawan Dang 301	IN84-73	IAC86-2480	CB49-260	SP77-5181	RB985523	RB037168		
7	IAC86-2210	IAC87-3396	RB845197	SP91-1049	SP88-819	SP70-1143	SP71-1406	RB855036	RB858927		
6	IJ76-293	IM76229	RB835054	SP86-42	SP87-365	RB975947	RB977512				
5	RB975198	RB975932	RB855036	RB937570	RB946022						
4	RB037188	RB037176	RB765418	White Pararia	RB987934	RB92656	NA5676	CB4176			
3	RB935744	RB935788	RB855453								
2	RB047122	RB855046	RB835486	RB925211	RB925345						
1	RB955971	RB965902	RB047157	RB93509	RB935621						

Anexo AE. Identificação de alguns dos genótipos de cana-de-açúcar cultivados na Estação experimental da EMBRAPA-AGROBIOLOGIA, seus genitores e origem.

Genótipo	Genitor feminino	Genitor masculino	Origem
RB72454	CP53-36	?	PLANALSUCAR
RB739359	IANE55-34	?	PLANALSUCAR
RB739735	CB52-179	?	UFV
RB765418	M253/48	?	PLANALSUCAR
RB825336	H53-3989	?	PLANALSUCAR
RB835054	RB72454	NA56-79	UFSCAR
RB835486	L60-14	?	UFSCAR
RB845197	RB72454	SP70-1143	UFSCAR
RB845210	RB72454	SP70-1143	UFSCAR
RB845257	RB72454	SP70-1143	UFSCAR
RB855035	L60-14	SP70-1284	UFSCAR
RB855036	RB72454	SP70-1143	UFSCAR
RB855113	SP70-1143	RB72454	UFSCAR
RB855453	TUC71-7	?	UFSCAR
RB855536	SP70-1143	RB72454	UFSCAR
RB858927	NA56-79	RB739735	UFRRJ
RB865230	SP70-1143	RB72454	UFSCAR
RB867515	RB72454	?	UFV
RB92579	RB75126	RB72199	UFAL
RB928064	SP70-1143	?	UFV
RB93509	RB72454	?	UFAL
RB935621	RB835089	SP70-1143	UFSCAR
RB935744	RB835089	RB765418	UFSCAR
RB935788	RB855113	RB835089	UFSCAR
RB937570	SP70-1143	RB72454	UFV
RB946022	RB855511	RB855077	UFSCAR
RB947520	RB72454	SP70-1143	UFV
RB947625	RB765418	RB72454	UFV
RB955971	RB855206	RB855035	UFSCAR
RB957610	RB83102	?	UFV
RB965902	RB855536	RB855453	UFSCAR
RB965911	RB855546	?	UFSCAR
RB966928	RB855156	RB815690	UFPR
RB975198	RB855511	?	UFSCAR
RB975932	SP80-185	RB855206	UFSCAR
RB975947	RB855563	RB735200	UFSCAR
RB977512	SP80-1842	?	UFV
RB985523	SP80-1520	SP70-1143	UFSCAR
SP79-1011	NA56-79	CoO775	
CB41-76	POJ2878	?	
CB45-3	Co290	Co331	
CB47-355	POJ2878	Co413	
CB49-260	CB44-36	?	
CB49-15	Co213	?	
RB925211	RB855206	?	
RB925345	H59-1966	?	
IAC86-2210	CP52-58	Co798	
IAC86-2480	US71-399	?	
IAC87-3396	Co740	SP70-1143	
RB047122	CO290	247B	ESTRANGEIRA
RB855046	IAC862210	?	UFV

Continuação				
IM76/227	Erianthus		?	
RB987934	S. barberimungo		?	
PUTRIKHAGEE	S. barberi		?	
White Pararia	S. sinense			
RB008344	SP80-3280		?	Clone RIDESA
H KAWAN DANG 301	Erianthus		?	
IN8473	Erianthus		?	
Maneria	S. sinense			
RB008336	S. robustum			
GANOA CHENI	S. barberi		?	
CHIN	S. barberi		?	
CAYANA	Sinpansahi		Sinpansahi	
RB037127	RB8495		SP91-1049	Clone RIDESA
RB047157	RB965518		?	Clone RIDESA
RB037153	SP80-3280		RB855511	Clone RIDESA

Anexo AF. Valores médios dos índices de seleção de 69 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em dois cortes no ciclo de pana planta.

Genótipo	Média	Continuação		Continuação		Continuação	
SP85-3877	14.4	RB935621	10.6	RB845257	9.0	CB49-15	6.9
RB855046	14.2	SP86-42	10.5	RB935788	8.8	RB975947	6.6
RB975138	13.0	RB957610	10.4	RB855453	8.8	RB855035	6.4
RB935744	12.6	SP80-1836	10.3	SP81-1763	8.7	RB925211	6.3
SP88-819	12.5	RB037176	10.3	RB739359	8.7	RB835486	5.7
RB865230	12.4	RB037191	10.1	White Pararia	8.6	CB49-260	5.4
RB037188	12.3	RB037168	10.1	RB965902	8.6	RB008344	4.3
RB92656	11.9	RB008336	10.0	RB855036	8.6	IJ76-293	3.2
SP83-2847	11.9	CB41-76	10.0	RB985523	8.1	Maneria	2.3
IAC87-3396	11.8	SP80-1816	9.6	RB955971	8.1	IN8473	1.5
RB925345	11.7	CB47-355	9.6	H Kawan Dang 301	8.0	IM76/227	0.9
SP91-1049	11.6	RB975932	9.4	RB93509	8.0	IM76229	-1.1
RB965911	11.5	RB037246	9.3	RB047157	7.9	Media	8.9
RB928064	11.4	RB975019	9.2	RB739735	7.4	Desvio Padrão (DP)	3.0
RB867515	11.3	RB855536	9.2	RB92579	7.3	Media + DP	11.9
RB72454	11.2	RB825336	9.2	RB966928	7.2	Media - DP	5.9
IAC86-2210	11.1	SP775181	9.1	RB987934	7.2		
SP80-3280	11.0	RB947520	9.1	RB845210	7.1		
SP87-365	10.6	RB845197	9.0	SP791011	7.1		