

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS

**POTENCIAL GENÉTICO DE GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR COM BASE
EM CRUZAMENTOS BIPARENTAIS**

PRISCILLA NEVES DE SANTANA

Orientador:
Prof. Lázaro José Chaves

Goiânia, GO – Brasil

2013

PRISCILLA NEVES DE SANTANA

**POTENCIAL GENÉTICO DE GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR COM BASE
EM CRUZAMENTOS BIPARENTAIS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador:

Prof. Dr. Lázaro José Chaves

Co-orientador:

Prof. Dr. Américo José dos Santos Reis

Goiânia, GO - Brasil

2013

DEDICO

Aos meus pais, **Alberto e Elza** pelo amor incondicional.
À minha irmã, **Larissa** pela companhia, carinho e incentivo.
Ao **Marco Aurélio** pela dedicação, compreensão e amor.

“Talvez não tenha conseguido fazer o melhor, mas lutei para que o melhor fosse feito. Não sou o que deveria ser, mas Graças a Deus, não sou o que era antes”.

(Martin Luther King)

Não posso desfazer a história e tampouco apagar os erros. A única coisa possível é continuar apontando o lápis para escrever o restante que ainda falta.

(Ita Portugal)

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo amor, pelo cuidado, pela paz e pelo sustento a cada dia, pois sem Ele nada disso seria possível.

À Universidade Federal de Goiás, pela oportunidade de realização por mais este curso e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus queridos pais, Alberto Neves de Santana e Elza Vieira dos Santos Santana, pela confiança e certeza de que sempre estarão dispostos a me ajudar. À minha irmã, Larissa Neves de Santana, por me proporcionar momentos de alegria e paz. E ao meu tio, Adilton Vieira, por fazer parte da minha família.

Ao meu futuro esposo, Marco Aurélio Leite, pelo amor, pelo carinho, pela compreensão e dedicação, sentimentos que me fortaleceram e me ajudaram a vencer.

A toda minha família, tios e primos que mesmo distantes torcem por mim.

Aos meus futuros sogros, Paulo Roberto e Alexandra, pelo carinho, atenção, pelo cuidado e pela minha família que representam para mim.

Aos meus amigos, Camylla, Ibrahim e Pedro Paulo por estarem presentes em todos os momentos. E aos seus familiares, Newton e Nilza, por terem me dado muito conforto e paz nessa fase da minha vida.

Às minhas amigas do curso, Milena e Clistiane, pela grande amizade, companheirismo, compreensão e ajuda.

Às colegas, Carolina e Keyla por disponibilizarem material de pesquisa e grande auxílio durante o desenvolvimento do trabalho.

Aos meus colegas do programa de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, pelo companheirismo e troca de experiência, Renata, Isabela, Juliana, Ivone, Ludmila, Carolina, Ana Letícia, Camila e vários outros.

Ao Prof. Dr. Lázaro José Chaves, pela confiança, orientação, ajuda, paciência e incentivo nos momentos mais difíceis.

Ao Prof. Américo Reis pela oportunidade, ensinamento e auxílio no trabalho e ao Prof. Alexandre pela grande ajuda e disponibilidade.

Aos docentes do programa de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, em especial à Profa. Dra. Patrícia dos Santos, pelos ensinamentos e contribuição para minha formação científica.

À RIDESA (Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético) pela oportunidade de execução do trabalho.

E a todas as pessoas que não foram citadas, mas que contribuíram de alguma forma para meu crescimento profissional e pessoal.

A todos, agradeço de coração!

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	8
LISTA DE FIGURAS	8
RESUMO GERAL	9
ABSTRACT	10
1 INTRODUÇÃO	11
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1 ASPECTOS ECONÔMICOS	13
2.2 A CULTURA DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	14
2.3 HISTÓRIA DO MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR...	16
2.4 MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR	20
2.5 ESCOLHA DE GENITORES	25
2.6 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO	27
2.7 DIVERSIDADE GENÉTICA	28
3 MATERIAL E MÉTODOS	32
3.1 MATERIAL GENÉTICO E DADOS EXPERIMENTAIS	32
3.2 ANÁLISE ESTATÍSTICA	34
3.3 ANÁLISE DE CORRELAÇÃO	35
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	36
4.1 NATUREZA DOS DADOS	36
4.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA	39
4.3 CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO	41
4.4 CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO	43
4.5 DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENITORES	48
5 CONCLUSÕES	55
6 REFERÊNCIAS	56
APÊNDICES	61

LISTA DE TABELAS

1	Efeitos médios de taxa de seleção de instituições da RIDESA Brasil preditos utilizando a metodologia BLUP (Intercepto = 1,7702).....	39
2	Análise de variância pelo modelo de Griffing (1956) para a taxa de seleção (BLUP) em 3043 combinações híbridas envolvendo 541 genitores do programa de melhoramento de cana-de-açúcar da RIDESA.....	40
3	Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para os 50 genitores superiores de cana-de-açúcar.....	42
4	Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) para as 50 famílias superiores.....	45
5	Correlação de Pearson (r) entre as estimativas de CEC (s_{ii}) com os coeficientes de parentesco de Malècot e por Dice	51

LISTA DE FIGURAS

1	Simulação de seleção em diferentes distribuições; a) média e variância baixas; b) média baixa, variância alta; c) média alta, variância baixa; d) média e variância altas.....	37
2	Histograma das frequências dos valores de taxa de seleção. A – Dados originais (8045 valores). B – Valores médios de 3043 cruzamentos preditos pela metodologia BLUP.....	38
3	Histograma de frequências das estimativas de capacidade geral de combinação para os 541 genitores de cana-de-açúcar.....	41
4	Histograma de frequências das estimativas de capacidade específica de combinação de 3043 cruzamentos de cana-de-açúcar.....	44
5	Histograma das frequências. A – Genealogia por coeficiente de parentesco Malècot. B – Similaridade genética por marcadores moleculares por coeficiente Dice.....	50
6	Gráfico de dispersão da capacidade específica de combinação (CEC) com o coeficiente de parentesco de Malècot (A) e com similaridade genética de marcadores obtida pelo coeficiente de Dice (B).....	52

RESUMO

SANTANA, P. N. Potencial genético de genitores de cana-de-açúcar com base em cruzamentos biparentais. 2013. 60 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013. ¹²

A escolha adequada de genitores a serem cruzados para gerar variabilidade genética é condição essencial para aumentar a eficiência de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar. A capacidade de combinação de genótipos em cruzamentos realizados constitui uma boa medida do potencial genético em cruzamentos futuros. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial genético de genitores de cana-de-açúcar com base em cruzamentos biparentais utilizados nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (PMGCA/RIDESA). A variável básica usada para avaliação foi a taxa de seleção de cada cruzamento na fase inicial do programa (T1), resultante da seleção praticada avaliando variáveis primárias de importância para a espécie. A taxa de seleção média de cada cruzamento foi predita utilizando a metodologia BLUP. A análise dos dados foi realizada utilizando o método IV proposto por Griffing (1956), adaptado para o conjunto de cruzamentos disponível, detalhando os efeitos de Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC). Os efeitos preditos de CEC foram correlacionados com estimativas de similaridade genética obtidas usando o coeficiente de Dice a partir de marcadores SSR e com o coeficiente de parentesco de Malècot. Foi detectada significância dos efeitos de CGC, mostrando a possibilidade de seleção de genitores com base neste parâmetro. Embora não testada estatisticamente, a CEC mostrou coeficiente de determinação superior à CGC. A similaridade genética obtida pelo coeficiente de parentesco mostrou uma correlação significativa, porém de baixa magnitude com CEC. Não houve significância para a correlação entre a distância genética estimada por marcadores e CEC. Concluiu-se que a taxa de seleção é eficiente para selecionar genitores potencialmente promissores na primeira fase de seleção de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: *Saccharum*, Melhoramento genético, Capacidade Geral de Combinação, Capacidade Específica de Combinação.

¹ Orientador: Prof. Dr. Lázaro José Chaves. EA-UFG.

² Co-orientador: Prof. Dr. Américo José dos Santos Reis. EA-UFG.

ABSTRACT

SANTANA, P. N. Genetic potential of sugarcane parents based on biparental crosses. 2013. 60 f. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.¹²

An adequate choice of genitors to be crossed to generate genetic variability is essential to increase the efficiency of sugarcane breeding program. The combining ability of genotypes in crosses constitutes a good measure of genetic potential in future crosses. The aim of this study was to evaluate the genetic potential of sugarcane genotypes based on biparental crosses of sugarcane breeding programs from the Interuniversity Network for the Development of Sugarcane Trade (PMGCA / RIDESA). The basic variable used was the rate of selection of each cross population (full sib family) in the initial phase of the program (T1), resulting from the selection practiced evaluating variables of primary importance for the species. The average selection rate of each family was predicted using BLUP methodology. Data analysis was performed using Method IV proposed by Griffing (1956), adapted to the set of crosses available, detailing the effects of General Combining Ability (GCA) and Specific Combining Ability (SCA). The predicted effects of SCA were correlated with genetic similarity estimates obtained using the Dice coefficient from SSR markers and the Malécot coancestry coefficient. It was detected significant effects of GCA, showing the possibility of selection of parents based on this parameter. Although not statistically tested, SCA showed determination coefficient higher than CGC. The genetic similarity obtained by coancestry coefficient showed a significant correlation with SCA, although of low magnitude. There was no significance for the correlation between genetic distance based on SSR marker and SCA. It was concluded that the rate of selection is efficient to select potentially promising parents in the first stage of selection in sugarcane.

Key words: *Saccharum*, Breeding, General Combining Ability, Specific Combining Ability.

¹ Adviser: Prof. Dr. Lázaro José Chaves. EA-UFG.

² Co-adviser: Prof. Dr. Américo José dos Santos Reis. EA-UFG.

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma importante cultura em vários países, sendo que a posição de maior produtor mundial é ocupada atualmente pelo Brasil. A busca crescente por combustíveis renováveis destacou o país como uma referência mundial em tecnologias no setor sucroenergético. O grande número de veículos que usa na combustão tanto o etanol como gasolina, denominados de carros *flex*, acrescido das exportações realizadas para diversos países, aumentou de forma significativa a demanda por etanol. Conseqüentemente, os investimentos no setor sucroenergético têm expandido consideravelmente. As características desse setor estão relacionadas à utilização de alta tecnologia e cultivo extensivo. Assim, é de fundamental importância um planejamento adequado de cultivo, para o sucesso da produção da cana-de-açúcar.

Atualmente o panorama do setor sucroenergético tem mostrado proeminência favorável, principalmente em função do preço do petróleo e na busca por combustíveis renováveis e mais baratos. O consumo mundial de açúcar e principalmente de etanol crescem a taxas significativas, em função do aumento da renda em países em desenvolvimento, de um novo cenário de aumento de consumo de combustíveis renováveis, questões ambientais, situação do petróleo, co-geração de energia via bagaço e palha, redução do efeito estufa com o uso desses combustíveis, entre outras.

As criações de novas variedades pelos programas de melhoramento genético e de outras inovações ao sistema de produção (melhorias das práticas de cultivo e manejo) contribuíram para um grande salto no desenvolvimento e modernização das usinas de açúcar e de etanol. Buscaram-se variedades mais produtivas e resistentes às doenças, adaptadas aos ambientes e manejos específicos, aos métodos de preparo do solo e conservação, tratamentos culturais, manejo de doenças e pragas, uso de maturadores e inibidores de florescimento, desenvolvimento de plantio e colheita mecanizados, aplicação de técnicas gerenciais à produção, ampliando a gama de tecnologias para o setor sucroenergético.

Os programas de melhoramento levam, em média, dez a quinze anos de inúmeras avaliações dos clones por meio de experimentos para lançamento de novas

variedades. O melhoramento genético da cana-de-açúcar é realizado prioritariamente para desenvolver variedades mais produtivas. A maioria das características consideradas na seleção é de natureza quantitativa, tais como toneladas de cana por hectare, teores de sacarose e de fibras.

O programa de melhoramento de cana-de-açúcar se baseia em três etapas que são o cruzamento, a seleção e a clonagem de genótipos superiores presentes em populações segregantes, que são obtidas a partir de cruzamentos sexuais entre genitores selecionados. Uma das etapas mais importantes é a escolha de combinação de genitores para gerar progênies segregantes e combinações híbridas potenciais que irão ser submetidas à seleção, a fim de produzir genótipos superiores aos clones comerciais.

A seleção nos programas da RIDESA, Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroenergético, é iniciada na fase denominada de T1, ou seja, primeira fase de seleção. Nessa fase é avaliado, principalmente o vigor geral da touceira de cana-de-açúcar e são realizadas avaliações fenotípicas, pois o número elevado de plantas dificulta outros tipos de avaliação para caracteres como Brix, altura, diâmetro e número de colmos, massa média de colmos e produção estimada de colmos, entre outros.

Dessa forma, uma maneira de aumentar a eficiência de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar é praticar a seleção de genótipos em populações com potencial genético superior, avaliando as capacidades de combinação desses genitores e assim melhorar a qualidade dos genótipos e do programa de melhoramento de cana-de-açúcar. Para os programas de melhoramento, abre-se a possibilidade de avaliar um grande número de genótipos que pode contribuir para melhorar a eficiência desses programas, permitindo a melhoria com estratégias de seleção para o lançamento de uma nova variedade. Outro aspecto que pode auxiliar na escolha de pares de genitores a serem cruzados é a divergência genética entre eles, o que pode ser avaliado diretamente nos resultados dos cruzamentos ou por medidas de distâncias genéticas obtidas a partir da genealogia ou de dados de caracterização molecular.

Nesse contexto, o objetivo desse trabalho foi avaliar a capacidade de combinação de genitores de cana-de-açúcar do Banco de Germoplasma da RIDESA, bem como verificar a associação entre a capacidade específica de combinação com medidas de distância genética obtidas por genealogia e marcadores microssatélites.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 ASPECTOS ECONÔMICOS DA CANA-DE-AÇÚCAR

O Brasil encontra-se em primeiro lugar no *ranking* mundial na produção de cana-de-açúcar. A área cultivada com cana-de-açúcar colhida e destinada à atividade sucroenergética, na safra 2012, foi de aproximadamente 8,5 milhões ha, distribuída em vários Estados de Federação, com uma produtividade média de 69.846 kg/ha. O Estado de São Paulo continua sendo o maior produtor com 51,87% (4,46 milhões hectares), seguido por Goiás com 8,52% (725,91 mil hectares), Minas Gerais com 8,47% (721,86 mil hectares), Paraná com 7,17% (610,83 mil hectares), Mato Grosso do Sul com 6,37% (542,70 mil hectares), Alagoas com 5,23% (445,71 mil hectares) e Pernambuco com 3,84% (327,61 mil hectares) (Conab, 2012). A previsão do total de cana-de-açúcar moída na safra 2012/2013 para o Brasil foi de 595,13 milhões de toneladas, com incremento de 6,2% em relação à safra 2011/2012, que foi de 560,36 milhões de toneladas (Conab, 2012).

Em Goiás, a lavoura de cana-de-açúcar continua em expansão, com 7% (678,42 mil ha) da área plantada na safra de 2010/2011, para 8,52% (725,91 mil ha) no primeiro levantamento da safra 2012/2013. Além do aumento da área, duas novas usinas entraram em funcionamento na safra 2010/2011 (Conab, 2011). A produção de cana-de-açúcar da Região Centro-Sul deve ser de 535,43 milhões de toneladas, 8,2% maior que a produção anterior (Conab, 2012).

A cana-de-açúcar é uma cultura distribuída em todo o mundo, sendo a fonte responsável pela maior parte do açúcar produzido no mundo, superando a beterraba açucareira (Henry, 2010).

A produção de cana-de-açúcar tem expandido em ambientes tropicais e subtropicais e o seu uso como fonte de energia renovável continuar a aumentar. A produção de variedades de cana-de-açúcar adaptadas a condições de seca, possivelmente será um fator determinante do grau de sucesso na expansão da produção de cana-de-açúcar em muitas áreas (Henry, 2010).

2.2 A CULTURA DA CANA-DE-AÇÚCAR

Atualmente, as variedades de cana-de-açúcar utilizadas são na realidade híbridos interespecíficos do gênero *Saccharum* (família Poaceae, antes classificada como Gramineae). Podem-se identificar características importantes para a produção agrícola que estão mais relacionados a uma espécie ou outra. Por exemplo, alto teor de sacarose é uma característica que proveio basicamente de *Saccharum officinarum* ($2n=80$). As características de perfilhamento e capacidade de brotação de soca devem-se basicamente a *Saccharum spontaneum* (Landell e Pinto, 2009).

Cronquist (1981) citado por Scarpari e Beauclair (2008) apresenta a seguinte classificação para a cultura, divisão: Magnoliophyta; classe: Liliopsida; ordem: Cyperales; família: Poaceae; tribo: Andropogoneae e gênero: *Saccharum*. São descritas, ainda pelo mesmo autor, as seguintes espécies: *Saccharum officinarum*, *Saccharum spontaneum*, *Saccharum sinense*, *Saccharum barberi*, *Saccharum robustum* e *Saccharum edule*.

O centro de origem da cana-de-açúcar é o Sudeste Asiático e a Nova Guiné. A história da cana-de-açúcar não é bem conhecida. Cana-de-açúcar tem sido cultivada na Índia e mais tarde na China. *S. officinarum* provavelmente foi domesticada na Nova Guiné, a partir de acessos de *S. robustum* selvagem, selecionados para colmos mais grossos, com maior teor de sacarose e baixo teor de fibra. Os seres humanos distribuíram amplamente *S. officinarum*, híbridos entre *S. officinarum* e *S. spontaneum*, *S. barberi* na Índia e *S. sinense* na China. Variedades modernas de cana-de-açúcar com essa origem híbrida foram distribuídas em todo o mundo para as áreas tropicais e subtropicais (Ming et al., 2006; Landell e Pinto, 2009; Henry, 2010).

Outras espécies do gênero *Saccharum* são descritas. *S. spontaneum* ($2n = 40 - 128$) apresenta boas características de vigor, perfilhamento, capacidade de rebrota e resistência a pragas e doenças, como o mosaico. São plantas de porte menores, colmos curtos e finos, fibrosos, quase sem açúcar, com sistema radicular bem desenvolvido e perfilhamento abundante. *S. robustum* ($2n = 60 - 80$) apresenta porte alto, colmos fibrosos e baixos teores em sacarose. *S. sinensis* ($2n = 81 - 124$) apresenta colmos finos e fibrosos, elevado teor em sacarose, sistema radicular desenvolvido suportando estresse hídrico. *S. barberi* ($2n = 111 - 120$) tem porte médio, colmos finos e fibrosos e baixo teor em sacarose, é rústica e pouco exigente em solo, suscetível ao mosaico e tolerante ao frio. *S. edule* ($2n=60, 70, 80$) é utilizada na alimentação humana (Scarpari e Beauclair, 2008).

As cultivares classificadas como *Saccharum spp.*, são híbridos formados pelo cruzamento das espécies anteriormente mencionadas, exceto *S. edule*. A maioria é fértil e possui número de cromossomos variando de 100 a 130, apresentando uma complexidade citogenética dos híbridos interespecíficos. A cana-de-açúcar é um aloploplóide, com predominância de formação de bivalentes na meiose. As associações multivalentes são raras, enquanto as univalentes são encontradas com muita frequência nas células em meiose. A ocorrência de clones aneuplóides é predominante. O genoma básico da cana-de-açúcar é composto por dez cromossomos, à semelhança da maioria das gramíneas. Porém, há também relatos de $x = 8$ e $x = 12$ (Barbosa, 2000).

A cana-de-açúcar é uma espécie que se reproduz assexuadamente pelo uso de colmos (toletes). Ela possui perfilhos que se comportam de forma independente e autônoma. Os perfilhos têm a capacidade de rebrota e possuem gemas que dão origem às raízes, folhas e frutos, mas são ligados formando a touceira. Apenas na natureza (com uma incidência muito baixa) ou para fins de melhoramento genético a cana-de-açúcar é propagada por semente (Matsuoka et al., 2005).

O colmo da cana-de-açúcar apresenta formato cilíndrico e é formado por nó, região onde insere a bainha da folha; zona radicular, que inclui gema e primórdios radiculares; anel de crescimento, região com células para o alongamento do entrenó; zona cerosa e o entrenó ou internódio. Cada nó possui uma gema axilar que se dispõe de maneira alternada entre cada internódio. Estas gemas axilares são utilizadas no cultivo extensivo para propagação das plantas e por isso a cana-de-açúcar é frequentemente descrita como uma cultura de propagação vegetativa (Matsuoka et al., 2005).

As raízes têm função de sustentação e absorção de água e nutrientes. O sistema radicular da cana-de-açúcar planta explora mais intensamente as camadas mais superficiais e com o decorrer dos anos e após inúmeros cortes, pode-se encontrar alta ocorrência de raízes abaixo de dois metros de profundidade (Vasconcelos, 2009).

As folhas são responsáveis pela interação da planta com a atmosfera, trocando gases e vapor de água através dos estômatos que abrem e fecham em função da turgidez das células-guardas. Nas células das folhas estão os cloroplastos, onde é realizada a fotossíntese, incorporando carbono atmosférico e transformando em carboidratos de alto valor energético, fundamental para seu metabolismo, pela captação da radiação solar e sua transformação em energia. A cana-de-açúcar é uma planta C4, ou seja, forma compostos

orgânicos com quatro carbonos durante o processo de fotossíntese (Scarpari e Beauclair, 2008).

A inflorescência é indesejável em áreas comerciais, devido ao consumo de energia com perdas de sacarose e alterações na qualidade da matéria-prima industrial, mas é fundamental para os programas de melhoramento. Assim ela pode ser induzida ou inibida por meio das variações nas épocas de plantio e corte, localização das áreas de cultivo, uso de maturadores ou inibidores do florescimento, irrigação, adubação, manejo artificial do fotoperíodo, entre outros (Scarpari e Beauclair, 2008).

A cana-de-açúcar é cultivada numa extensa área territorial, compreendida entre os paralelos 35° de latitude Norte e Sul do equador, apresentando melhor comportamento nas regiões quentes. No Brasil é cultivada de norte a sul e se adapta melhor às regiões quentes com duas estações distintas: uma quente e úmida para proporcionar germinação, perfilhamento e desenvolvimento vegetativo e outra fria (sem geadas) e seca para promover maturação e acúmulo de nutrientes. Devido à sua rusticidade desenvolve satisfatoriamente em solos arenosos e em solos profundos pesados, bem estruturados, férteis com capacidade de retenção de nutrientes e água (Ferrari, 2010).

2.3 HISTÓRIA DO MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR

A história do melhoramento da cana-de-açúcar foi separada em cinco períodos baseado na produção de materiais e progênies. Atualmente, as variedades de cana-de-açúcar são híbridos da sexta a décima geração, sendo que predominam as contribuições genéticas de *S. officinarum*, mas algumas apresentam *S. spontaneum*, *S. sinense* e *S. barberi*, e poucas *S. robustum* (Matsuoka et al., 2005; Ming et al., 2006).

Cana-de-açúcar é uma cultura industrial importante na utilização para produção de energia (etanol e energia elétrica), além de açúcar e produtos de fibra (por exemplo, papel, papelão e cartão de fibra) (Henry, 2010).

O Governo Federal implantou no Brasil, a partir de 1979, uma política de créditos com “prioridade agrícola”, um leque de apoio à atividade agrícola brasileira, ao desenvolvimento, com incentivos à produção com reajustes ponderáveis aos preços mínimos, mecanismos de créditos, entre outros. O segmento agrícola que mais se beneficiou foi o da agroindústria açucareira e alcooleira, notadamente após a formalização

do Proálcool (Programa Nacional do Álcool) que estimulava a oferta de etanol para substituir em parte o petróleo (Rodrigues, 1987).

Estímulos à plantação de cana-de-açúcar e a implantação de indústria de açúcar e etanol foram consideráveis. Com recursos a juros subsidiados e a longos prazos foram surgindo os canaviais e as indústrias, principalmente em três tipos de áreas: ocupadas com cerrados, portanto improdutivas até então; ocupadas com pastagens de baixa qualidade e; áreas ocupadas com produção de alimentos (Rodrigues, 1987). Duas estratégias foram marcantes para esse crescimento da cultura da cana-de-açúcar no Brasil, a melhoria das práticas de cultivo e manejo e o desenvolvimento por parte dos programas de melhoramento genético, de novas variedades de cana-de-açúcar mais adaptadas a essas novas áreas de expansão.

Existem no Brasil programas de melhoramento que possuem variedades comerciais lançadas aos produtores, o programa da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético – RIDESA, do Centro de Tecnologia Canavieiro - CTC, do Instituto Agrônomo de Campinas - IAC e o programa da Monsanto, que ainda não lançou variedade.

O Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (Planalsucar) do Instituto do Açúcar e do Álcool (IAA) foi criado com a finalidade de desenvolver e transmitir resultados de pesquisas de melhoramento da cana-de-açúcar para o campo e para a indústria. Para dar apoio aos produtores, levaram-se conhecimentos, produtos e serviços gerados após as pesquisas, que resultou em aumento considerável da produtividade agroindustrial (RIDESA, 2010).

A ideia principal foi dar apoio a todas as regiões potenciais ao desenvolvimento do Programa Nacional do Álcool, que buscava respostas rápidas em termo de produção de etanol, levando em conta as características regionais. As estações experimentais regionais abrangeram todo o território nacional e estavam localizadas nos estados do Pará, Maranhão, Bahia, Goiás, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Paraná, São Paulo e Rondônia (RIDESA, 2010).

O Planalsucar estruturou a pesquisa e desenvolvimento e na época, possuía um sistema de difusão de tecnologia para o fornecimento de produtos, serviços e conhecimentos técnicos, numa ação integrada de forma direta ou por meio de convênios com instituições para este fim. Desenvolveu atividades como a produção de mudas, leveduras, materiais de controle biológico, utilização de resíduos, análises de solos e

adubações, definição de índices técnicos e instituição do sistema de pagamento da cana-de-açúcar pelo teor de sacarose, produção e testes de máquinas e equipamentos, sistemas de produção em áreas de expansão, produção e incentivos a uso de novas variedades de cana-de-açúcar, entre outros (RIDESA, 2010).

Com a criação da RIDESA, Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético, em 1990, deu-se continuidade a algumas atividades do Planalsucar, sendo que essa rede assumiu parte do patrimônio físico e de recursos humanos e o acervo técnico científico do Planalsucar, que era ligado ao Ministério da Indústria e Comércio. Atualmente a RIDESA é responsável pelo desenvolvimento de variedades com a sigla RB (República Federativa do Brasil), sendo que essas novas variedades de cana-de-açúcar passaram a ocupar 58% da área de cana-de-açúcar cultivada no Brasil (RIDESA, 2010).

A RIDESA propôs um programa nacional de pesquisa e extensão em cana-de-açúcar e derivados que busca superar desafios nas áreas tecnológicas, de mercado, problemas agrícolas emergentes, eficiência de industrialização, consciência da sociedade quanto ao meio ambiente e avanços no processo produtivo. A RIDESA, atualmente é composta por 10 Universidades Federais (UFMT, UFG, UFSCar, UFPR, UFPI, UFRPE, UFAL, UFS, UFV e UFRRJ). Possui duas estações de cruzamento, estações experimentais, centros de pesquisa e subestações de seleção e parcerias com o setor sucroalcooleiro (RIDESA, 2010).

Outro programa de melhoramento que teve significativa contribuição ao setor, foi o do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), criado em 1887, por D. Pedro II, no interior da província de São Paulo e tinha a finalidade de estabelecer pesquisa e desenvolvimento agrícola. Embora passando por crises e reformas é mantido até hoje com objetivo de gerar inovações significativas para a área agrícola, desde o melhoramento genético, sistema de produção, colheita, transporte, área industrial e comercialização. Foram criadas estações experimentais, grupos de estudo, com apoio da Secretaria da Agricultura de São Paulo para dar sustentabilidade ao desenvolvimento das lavouras de cana-de-açúcar e a indústria (Figueiredo, 2008). O programa de melhoramento genético do Instituto Agrônomo de Campinas, que se iniciou em 1933, é o mais antigo em atividade no Brasil.

Em São Paulo, a Copereste - Cooperativa dos Usineiros do Oeste do Estado de São Paulo - criou, em 1953, no município de Dumont, região de Ribeirão Preto, uma estação experimental que foi importante para aquela região do Estado. Em 1968 a

Copersucar (Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo) deu início a um importante programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, incorporando a Copereste e sua estação experimental. Esse programa foi substituído pelo CTC – Centro de Tecnologia Canavieira estando nas mesmas instalações que eram ocupadas pela Copersucar. Esta firmou protocolos de cooperação, além de outras instituições, com a Embrapa – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária e com o IAC – Instituto Agrônômico de Campinas, ao qual cederam sementes produzidas em sua Estação Experimental de Floração e Cruzamento. Foram produzidos *seedlings* de sementes verdadeiras, provenientes de cruzamentos realizados em Camamu, BA, para o programa de seleção de variedades do IAC (Cesnik e Miocque, 2004).

O início dos atuais programas de melhoramento (baseados em hibridação) deu-se em decorrência do surgimento de doenças, visando assim a diminuir problemas fitossanitários. À doença do Sereh e posteriormente, ao vírus mosaico e à gomose, doenças causadas por bactérias, pode ser creditada a grande importância dada ao melhoramento genético em razão da alta suscetibilidade das canas nobres. Inicialmente, objetivou-se a resistência às principais doenças conhecidas, utilizando como ferramenta, o cruzamento interespecífico, envolvendo, *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. barberi* e *S. sinense* (Landell et al., 2008).

Mais tarde apareceu a doença produzida pelo fungo *Ustilago scitaminea*, conhecida como o carvão. Também houve problemas com a ferrugem da cana-de-açúcar e síndrome do amarelecimento foliar. No Brasil, houve a chegada recente de uma nova ferrugem, conhecida como Ferrugem Alaranjada (*Puccinia kuehnii*), que tem levado os programas a selecionarem clones com resistência e/ou tolerância a esse patógeno (Landell et al., 2008).

Os programas de melhoramento, a princípio, usaram o método de introdução de plantas, que consiste em trazer de outras regiões produtoras, de preferência aquelas que tenham alguma similaridade edafoclimática com a região de destino, variedades comerciais para serem testadas nas novas condições de cultivo. Aquelas variedades contribuíram no seu tempo como base para a grande canavicultura comercial que haveria de se estabelecer no Brasil posteriormente (Landell et al., 2008).

Algumas variedades cultivadas no Brasil foram Crioula, Caiana, Bourbon, Imperial, Crystalina, Rajada, entre outras. Logo, foram substituídas pela introdução de outros clones, via melhoramento genético de plantas. Como exemplo Co290, Co413,

POJ213, POJ2727, IAC36-25, IAC47-31, CB45-3 e CB41-76 e muitas outras (Landell et al., 2008).

O objetivo principal dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é obter novas variedades que amplifiquem a produtividade de energia, como açúcar, etanol e fibra. As variedades desenvolvidas a partir de seleções regionais atendem às condições edafoclimáticas da região, promovendo ganhos significativos para nichos de produção. A exploração dessas outras espécies proporcionou uma significativa alteração no ideótipo varietal. Plantas passaram a apresentar bom perfilhamento, como também grande habilidade de brotação após o seu corte. Colmos que apresentavam diâmetro excessivo e baixíssimo teor de fibra, agora são de média grossura, com valores mais elevados de fibra (Landell e Pinto, 2009).

Atualmente, o processo de melhoramento consiste na obtenção de variedades por meio de hibridação e seleção. O processo de hibridação enseja a geração de famílias que apresentem ampla variabilidade genética, sendo esta a condição que viabiliza o processo de seleção. Esse processo é mais caro e trabalhoso que o processo de introdução de plantas, no entanto, é muito mais eficiente, pois posteriormente à geração da variabilidade, via hibridação, vale-se da seleção local sobre diferentes famílias, possibilitando o aparecimento de indivíduos com grande adaptação para “nichos” mais específicos de produção. Esse processo foi o responsável pelo grande salto de produtividade que o Brasil experimentou nos últimos vinte e cinco anos a partir de trabalhos desenvolvidos pela Copersucar (hoje CTC), pelo Planalsucar (hoje RIDESA), e pelo Programa Cana IAC, os quais usaram desse procedimento para obtenção de suas variedades (Landell e Pinto, 2009).

2.4 MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR

As modernas variedades de cana-de-açúcar oriundas de hibridações interespecíficas e à alta ploidia podem apresentar muita variabilidade genética quando cruzadas. Devido à natureza altamente heterozigota e poliplóide apresentam base genética complexa, com segregação cromossômica em variadas formas de cromossomos em suas células somáticas, segundo Swapna et al. (2011).

Os programas de melhoramento de cana-de-açúcar possuem um grande número de clones selecionados, sendo muitos deles importados de outras estações ou das coleções de germoplasma. Os melhoristas usam geralmente espécies básicas e em número reduzido para compor seu próprio banco de germoplasma utilizado no desenvolvimento de clones. Eles direcionam cruzamentos e selecionam para produção de clones elite, tanto para seleção de genitores como para seleção de variedades adaptados ao ambiente, com resistência a doenças e insetos, para aumentar o rendimento e adequados para mudanças agronômicas e gestão (Badaloo et al., 1998; Ming et al., 2006).

As primeiras hidridações em cana-de-açúcar podem ser agrupadas em cinco períodos distintos: cruzamento entre canas nobres (designação para clones de *S. officinarum*), em que foram produzidas novas cultivares nobres, conservando as características principais da *S. officinarum*; nobilização da cana-de-açúcar a partir de cruzamentos entre *S. officinarum* e *S. spontaneum*, nos quais todos os cromossomos do genitor materno foram transferidos aos descendentes sem redução, que aconteceu logo no F₁ ou no retrocruzamento com *S. officinarum*; cruzamentos entre cultivares nobilizadas para produzir as cultivares híbridas; cruzamentos entre os híbridos interespecíficos para a produção das variedades atuais e; cruzamentos para aumentar a base genética (Ming et al., 2006; Landell et al., 2008).

Na hibridização os procedimentos e as técnicas de cruzamentos variam nas diferentes estações de melhoramento. Durante a polinização são retirados os colmos pendoados antes do florescimento, colocando em uma solução ácida para prolongar o florescimento e direcionar para cruzamentos biparentais ou policruzamentos. Segundo Ming et al. (2006) os policruzamentos e cruzamentos biparentais controlados são os mais utilizados nas estações de cruzamentos para a produção de sementes. Os métodos de melhoramento de cana-de-açúcar consistem em três etapas, seleção de genitores de uma população, hibridização usando cruzamento biparental e policruzamentos, e seleção de progênies em vários estágios de propagação clonal (Landell et al., 2008).

A produção de sementes verdadeiras deu suporte para a produção dos clones de *S. officinarum* em condições ideais para o florescimento e assim foram produzidas para realizar cruzamentos com outras espécies e produção de clones de cana-de-açúcar para sua distribuição por diversas regiões. Portanto, a produção de sementes verdadeiras possibilita reprodução entre espécies, perpetuando-as e para representação significativa da diversidade genética da cana-de-açúcar (Ming et al., 2006).

Na fase inicial os indivíduos são originários de sementes sexuadas, que são denominados de *seedlings*. Esses *seedlings* são cultivados em diversas estações experimentais, sendo submetidos a diversas seleções, quantificando diversos fatores tecnológicos e biométricos relacionados à produção. Esses clones resultantes das diversas fases de seleção são levados às usinas e avaliados quanto ao desempenho sob diversas condições edafoclimáticas. Portanto, o desenvolvimento de uma variedade de cana-de-açúcar é um processo que demanda muito tempo, em média de 10 a 15 anos, de muito trabalho e recurso (Albino et al., 2006).

Na primeira fase, T1, ocorre a seleção das plantas individuais, levando em consideração as características vegetativas, brotação, perfilhamento, florescimento, chochamento, interação planta-patógeno-ambiente, Brix (que mede o teor de sólidos solúveis contidos em uma solução de sacarose quimicamente pura), número de colmos, diâmetro e massa dos colmos. Nessa fase selecionam-se as plantas que apresentarem mais de seis colmos por touceira; colmos com idade fisiológica semelhante e de diâmetro médio; habito de crescimento ereto; tolerância as principais doenças fúngicas de ocorrência natural da região; florescimento e chochamento ausente; e Brix semelhante ou superior ao das variedades padrão (Matsuoka et al., 2005; Pedrozo, 2006).

Ferreira et al. (2007) visando quantificar os efeitos diretos e indiretos de componentes de produção sobre tonelada de cana por hectare (TCH) e massa média de colmos (MMC) avaliaram dezessete famílias híbridas na Universidade Federal de Viçosa realizando análise de trilha fenotípicas e genotípicas, definindo como componentes as variáveis altura de colmos (AC), diâmetro de colmos (DC) e número de colmos (NC). As variáveis MMC e NC podem ser usadas na seleção indireta de famílias mais produtivas, que apresentaram efeitos diretos positivos e elevados sobre TCH. Mostraram que AC e DC estão correlacionadas com MMC, e apenas DC mostrou elevado efeito genético direto sobre MMC, sendo uma variável importante a ser considerada na seleção indireta de famílias com maior massa média dos colmos.

A segunda fase de seleção, T2, é realizada com informações de cana planta e soca, fazendo-se a pesagem dos colmos de cana-de-açúcar e obtendo o Brix. Esta seleção é de baixa intensidade, levando em consideração os efeitos ambientais e competição entre as plantas (Matsuoka et al., 2005).

A terceira fase de seleção, T3, já é a fase de multiplicação em várias regiões, obtendo-se o Brix e o Pol dos clones (porcentagem de massa de sacarose contida na

solução açucarada). Realizam-se os testes de doenças, como carvão e mosaico, ferrugem e resistência à podridão vermelha entre outras. A partir daí é empregado um índice de seleção, com base na correlação entre caracteres para obter uma seleção mais eficiente para caracteres de baixa herdabilidade. Na fase experimental avaliam-se mais ciclos da cultura, em épocas e locais diferentes, avaliando Pol, fibra, pureza e açúcares redutores, para definir as características de estabilidade e adaptabilidade da futura variedade (Matsuoka et al., 2005). Conjuntamente à fase de experimentação são instalados os ensaios de curvas de maturação, para auxiliar no manejo e recomendação do período de colheita.

No programa de melhoramento, todo ano são geradas muitas populações com milhares de plântulas heterozigotas que são submetidas à seleção. A taxa de seleção nas etapas iniciais varia conforme o programa, onde se leva em consideração o tamanho da população e a forma de seleção que é praticada. Inicialmente, é importante levar em consideração os caracteres com alta herdabilidade, minimizando a possibilidade de descartar indivíduos superiores. Nas fases posteriores, aumenta-se a intensidade de seleção com o aumento da precisão experimental e, posteriormente, recomendação de cultivo em diferentes locais e anos com os resultados dos experimentos (Matsuoka et al., 2005).

Segundo Badaloo et al. (1998) visa-se nos programas de melhoramento a utilização eficiente de clones parentais em cruzamentos para gerar maior variação genética e concentrar maiores esforços, gerando maior probabilidade de produzir genótipos elites, melhorando a eficiência da produção de variedades comercialmente aceitáveis, para sustentar progresso genético para as futuras gerações de plantas.

Alguns melhoristas selecionam entre as famílias priorizando as médias fenotípicas superiores, pois levam em consideração que a herdabilidade entre famílias é superior em comparação com plantas individuais. Outros preferem usar a taxa e seleção, para selecionar as famílias e identificar os cruzamentos superiores. Deve-se observar que ao selecionar famílias sem levar em consideração a variância genética de cada cruzamento, podem ser descartadas famílias inferiores, mas com ampla variabilidade genética (Matsuoka et al., 2005).

A maioria dos programas de melhoramento apresenta sucesso com a utilização de grandes populações de indivíduos nessa primeira etapa de seleção, utilizando o processo de seleção fenotípica ou seleção massal, já que a eficiência de seleção é baixa. Com os custos nessas etapas iniciais é muito alto, têm-se buscado métodos de seleção mais eficientes e menos onerosos. Os melhoristas têm realizado seleção por famílias e seleção

combinada, que é a seleção por família e depois a seleção individual estratificada dentro das melhores famílias (Bressiani, 2001).

Para o programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar a seleção de família tem resultado positivo, pois em famílias superiores é maior a probabilidade de serem encontrados clones elite. Portanto contribui para a identificação de genótipos e clone superiores para novos cruzamentos. E os programas estão habitualmente usando a seleção das famílias e a seleção individual (Kimberg e Cox, 2003).

A avaliação e seleção de famílias na fase inicial permitem estimar parâmetros fenotípicos e genéticos, prever os valores genotípicos dos cruzamentos, as relações entre os caracteres, avaliar a eficiência dos métodos de seleção e estimar os progressos genéticos, contribuindo para a evolução do programa de melhoramento, pois pode explorar melhor a variabilidade genética das progênies dos cruzamentos entre genitores conhecidos (Silva et al., 2002).

Barbosa et al. (2005), estudando a seleção de famílias pela metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, estimaram os parâmetros genotípicos de uma população e predisseram esses valores genotípicos das famílias e dos genitores utilizados nos cruzamentos. Estes autores identificaram famílias superiores que poderiam ser utilizadas para uma maior produção de sementes que seriam utilizadas para instalação de um campo T1, contendo famílias com elevado valor genotípicas e posterior seleção de clones dentro destas famílias promissoras. Nesta fase, o processo de seleção de indivíduos pode ser baseado em caracteres visuais de seleção.

O conceito do melhoramento da cana-de-açúcar é implicitamente uma forma de seleção recorrente, pois os genótipos superiores ou novas variedades serão novamente empregados em cruzamentos para geração das novas progênies. Seleção recorrente é processo cíclico que envolve a obtenção de progênies, sua avaliação e inter cruzamento dos melhores genótipos. Permite o aumento gradativo da frequência dos alelos favoráveis por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos melhores indivíduos das melhores progênies, principalmente para a maioria dos caracteres de importância agrônômica da cana-de-açúcar que é controlada por vários genes (Barbosa et al., 2005).

Na seleção recorrente intrapopulacional, os genótipos superiores gerados após a hibridação e seleção são recombinação para a geração das famílias híbridas de um novo ciclo seletivo, sendo esta mais eficiente em espécies que não apresentam elevada heterose e/ou divergência genética no material do melhoramento. Já a seleção recorrente recíproca

deve ser preferida considerando a importância de explorar tanto capacidade geral quanto específica de combinação (Barbosa et al., 2005). A seleção recorrente em cana-de-açúcar é baseada em experimentos com famílias de cruzamentos controlados, com diferentes métodos de identificação e seleção dos indivíduos superiores para a clonagem e para fazer novos cruzamentos (Barbosa et al., 2012).

2.5 ESCOLHA DE GENITORES

A seleção de novos clones de uma população para serem utilizados como genitores em cruzamentos torna-se necessária à medida que os genitores mais antigos diminuem sua performance relativa. Estes clones com destaque, por exemplo para produção de açúcar, podem ser selecionados já nos estágios mais avançados da seleção clonal (Ming et al., 2006).

A escolha de genitores deve ser eficiente para gerar variedades comerciais com características de interesse, como teor de sacarose e fibra e gerar maior variação genética e com maior probabilidade de gerar progênies elite. Essa escolha criteriosa dos genitores é um pré-requisito para um programa de melhoramento de cana-de-açúcar e para sustentar o progresso genético das futuras gerações. Para esta escolha de genitores um dos requisitos é a transmissão de características importantes para as progênies, a triagem dos pais e as previsões das hibridações do programa. Geralmente é usada a expressão fenotípica e genotípica, tais como características agrônomicas e morfológicas e testes de progênies dos cruzamentos. Informações sobre o desempenho de genitores nas respectivas progênies pode ser observado quando avaliadas as taxas de seleção e capacidade de combinação (Ming et al., 2006).

A seleção dos genitores deve recair sobre genótipos superiores, que apresentem as características de interesse e bom comportamento, sendo assim, é possível obter populações com bom desempenho e que já tenha um conjunto de genes de interesse. Deve-se planejar o cruzamento entre os indivíduos de cana-de-açúcar, para ter o cuidado para não realizar o pareamento entre indivíduos aparentados para evitar que ocorra depressão por endogamia e o estreitamento da base genética (Matsuoka et al., 2005).

A correta escolha dos genitores que serão usados nos cruzamentos depende das metas e objetivos dos melhoristas e são baseados nas expressões fenotípicas e genotípicas de seus caracteres. Critérios principais são levados em consideração como as

características dos genitores quanto a caracteres morfológicos e agrônômicos, doenças e florescimento e seu comportamento baseada no teste de progênies dos cruzamentos anteriores (Badaloo et al., 1998).

Para caracterizar genitores quanto aos caracteres específicos, como teor de sacarose, os genótipos utilizados nesses cruzamentos são reciclados para o banco de genes como genitores, reduzindo assim o intervalo de geração. Estes genótipos enriquecem o germoplasma básico para proporcionar uma base sólida para utilização no programa para alargamento da base genética e introgressão de características específicas nos clones comerciais (Badaloo et al., 1998).

As informações sobre o comportamento dos genitores é derivada principalmente da primeira geração de clones, em relação à taxa de seleção e capacidade de combinação e numa segunda fase de seleção baseada no BRIX, número de colmos e vigor. Os dados dos cruzamentos selecionados de muitos anos são arquivados, o que permite o cálculo da taxa de seleção de cada cruzamento e a razão dos cruzamentos, que é a proporção de genótipos selecionados de cada cruzamento dividido pela proporção média global dos genótipos selecionados na população, que é em torno de 15%. A média da taxa de cruzamento de um genitor é um indicador da sua capacidade geral de combinação (Badaloo et al., 1998).

A taxa de seleção do cruzamento é representada pela expressão x/y , em que o “x” representa a quantidade de genótipos selecionados e “y” representa a população de genótipos avaliados da família. Esta taxa está relacionada com a capacidade específica de combinação (CEC) do cruzamento. A média da taxa de cruzamento para um genitor em todos os cruzamentos em que participou em todo ano reflete a capacidade geral de combinação (CGC). No entanto, existe a necessidade de calcular a taxa de cruzamento dos últimos estágios de seleção, porque alguns cruzamentos podem ter alta taxa de seleção nas fases preliminares, mas poucos clones serem selecionados nas fases avançadas de seleção (Badaloo et al., 1998).

Estudo realizado por Barbosa et al. (2005) mostra que a seleção de famílias de cana-de-açúcar via metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, permite a estimação de parâmetros genotípicos e predição dos valores genotípicos das famílias e dos genitores utilizados nos cruzamentos. Isso possibilita a identificação de famílias superiores e posterior seleção de genótipos elites.

2.6 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO

A capacidade de combinação é muito importante para o melhoramento e está relacionada com sistema de cruzamento em delineamento dialélico usado em estudos para comparar o comportamento dos genitores em cruzamentos (Griffing, 1956). Segundo Wu et al. (1980) a capacidade de combinação entre os pais selecionados depende da ação do gene e da quantidade de variabilidade genética envolvida. Essa avaliação dos pais para capacidade de combinação pode facilitar a seleção e o método de cruzamento para produzir um grande número de progênes de alto potencial, sendo os métodos mais utilizados os policruzamentos e cruzamentos biparentais.

A capacidade geral de combinação é a habilidade de um genótipo em produzir progênes com determinado comportamento, quando cruzado com vários outros genitores (performance média de combinações dos cruzamentos). Esta se refere ao comportamento médio de cruzamento dos genótipos (Miranda Filho e Gorgulho, 2001).

No melhoramento de cana-de-açúcar os cruzamentos geram um grande número de progênes, porém, somente uma pequena amostra destes cruzamentos é plantada e avaliada para características individuais, devido alto custo dos experimentos. Para essa seleção, os genitores são escolhidos com base na alta média e/ou variância dessas amostras nas progênes com base nas características de interesse. Cruzar genitores com média e divergência baixa torna mínima a chance de encontrar indivíduo notável e se cruzarem genitores com baixa média, mas com alta divergência pode-se repetir esses cruzamento, desde que forem encontradas progênes superiores (Wu et al., 1980).

A capacidade específica de combinação é o comportamento de uma combinação específica de genótipo (performance média das linhagens envolvidas em certa combinação) (Borém e Miranda, 2009). Está relacionada ao efeito na expressão do híbrido adicionada aos efeitos da CGC dos genitores, podendo ser positivo ou negativo, que pode melhorar ou piorar a expressão do híbrido em relação ao efeito esperado somente na CGC (Miranda Filho e Gorgulho, 2001).

De acordo com Bressiani et al. (2002), toda vez que a capacidade geral de combinação é mais importante que a capacidade específica de combinação, os genitores devem ser escolhidos baseando no valor da CGC. Esses pesquisadores mostraram que a capacidade geral de combinação foi a mais significativa para todas as características

avaliadas e que para os genótipos avaliados, a seleção dos genitores deve primeiramente ser em função da CGC e posteriormente CEC dentro dos genótipos com alta CGC.

De acordo com Cruz e Vencovsky (1989) a Capacidade Geral de Combinação (CGC) é utilizada para estimar o comportamento médio dos genitores nas diversas combinações híbridas e fornece as potencialidades a respeito dos genitores e possíveis combinações favoráveis e está associada com efeitos aditivos dos alelos e as ações epistáticas do tipo aditivo. Já a Capacidade Específica de Combinação (CEC) é utilizada para identificar certas combinações híbridas que são superiores ou inferiores, e está associado com efeitos de dominância dos genes.

Estudos mostram que a CGC tem prevalecido para diversas características em cana-de-açúcar. Contudo, a CEC tem demonstrado importância na expressão da variável toneladas de colmo por hectare. Com isso um grande número de cruzamentos deve ser realizado e avaliado em experimentos com repetição para determinar as melhores famílias e selecionar indivíduos para obtenção de clones (Bastos et al., 2003).

2.7 DIVERSIDADE GENÉTICA

A variabilidade e diversidade genética da coleção de germoplasma são necessidades básicas para um programa de melhoramento. O conhecimento da divergência genética entre os genótipos determina o sucesso da hibridação, a partir da seleção de genitores e o estudo da capacidade de combinação tem sido desenvolvida para prever o comportamento de uma população. No entanto, a resposta à seleção e hibridação interespecífica tem sido lenta, no passado recente, devido à estreita base genética das variedades atuais (Srivastava et al., 1999).

A diversidade genética da cana-de-açúcar tem sido estudada pelo uso de marcadores moleculares para verificar as diferenças no DNA, como ferramenta para apoiar o melhoramento de plantas e o melhorista na escolha dos genitores gerando variedades de interesse agrônômico em menor tempo gasto para seleção e recombinação. O aumento na eficiência da seleção, caracterização e quantificação têm contribuído para a amplificação da base genética da cana-de-açúcar com vista à maior divergência genética do “complexo *Saccharum*” (Nair et al., 1999).

Uma forma de mensurar a distância genética entre genótipos é verificar o grau de parentesco pelo uso dos coeficientes de parentesco (r), como proposto por Malècot e

que é definido como a probabilidade de um gene aleatório de um indivíduo X ser idêntico por descendência a um gene aleatório de um indivíduo Y. Tem sido frequente em análises genéticas das populações e no gerenciamento de bancos de germoplasma associado aos programas de melhoramento de plantas para apoiar o estudo da genealogia. Essas estimativas de coeficiente de parentesco têm sido usadas como indicadores preliminares das combinações mais divergentes, em programas de melhoramento nos estágios iniciais. O acúmulo de informações fenotípicas e moleculares das populações possibilita avaliar o grau de parentesco entre genitores e a contribuição de alelos para a progênie (Vello et al., 1988; Lima et al., 2002; Peternelli et al., 2009) .

O coeficiente de Malècot é uma medida clássica para verificar a relação genética entre os genótipos, determinando a probabilidade que um loco tem de compartilhar alelos idênticos por descendência. Nos programas de melhoramento de plantas é utilizado para especificar a covariância entre gerações, podendo ser usada para prever o comportamento dos melhores cruzamentos (Bernardo, 1996). Teoricamente, para organismos diploides, o coeficiente de parentesco será zero, para indivíduos sem qualquer grau de parentesco conhecido; 0,25, entre mãe e filho, pai e filho e entre irmãos completos; e 0,50, entre o indivíduo e ele mesmo (Therneau et al., 2012).

Análise por marcadores moleculares tem eficiência na utilização para relacionar as bases genéticas das características dos genótipos. As diversas técnicas de marcadores moleculares como RFLP, AFLP, microssatélite ou SSR e SNP têm mostrado importância no melhoramento de plantas. São usadas para aumentar a compreensão da diversidade genética e complexidade das variedades. Com um complexo genoma poliploide, a cana-de-açúcar requer um maior número de informações de marcadores para variadas aplicações no melhoramento genético e molecular (Singh et al., 2010).

Microssatélites ou SSR possuem sequências de um a seis nucleotídeos no DNA repetidos em tandem e estão presentes no genoma de eucariontes. Os microssatélites têm ganhado importância no melhoramento molecular devido a atributos desejáveis genéticos como alto polimorfismo, herança co-dominante, reprodutibilidade, natureza multi-alélica e localização cromossômica específica. As relações genéticas são usadas para gerenciar os genótipos durante os programas de melhoramento e as informações obtidas das análises de diversidade são usadas para fazer cruzamentos e seleção dos genitores divergentes para maximizar a heterose (Singh et al., 2010).

Sindhu et al. (2011) utilizaram microssatélites para avaliar a divergência genética em 22 híbridos de cana-de-açúcar, que representam todas as regiões climáticas agroecológicas da Índia tropical. Por meio do coeficiente de similaridade de Jaccard detectaram variação de 0,574 a 0,889 entre os híbridos.

Silva (2012) verificou a diversidade genética de 63 clones elites de cana-de-açúcar por meio da similaridade genética, utilizando marcadores moleculares EST-SSR e o coeficiente de parentesco. A similaridade genética estimada pelo coeficiente de Jaccard variou de 0,32 a 0,71 e o coeficiente de parentesco variou de 0 a 0,70, gerando confiabilidade nos dados e possibilidade de utilização no planejamento de cruzamento no programa de melhoramento.

Lima et al. (2002) investigaram os níveis de similaridade genética de variedades de cana-de-açúcar e avaliaram a correlação das análises obtidas a partir dos marcadores moleculares do tipo AFLP (amplified fragment length polymorphism) com os da genealogia. Os resultados apresentaram correlação significativa, porém de baixa magnitude ($r = 0,42$). Dessa forma, os dois métodos analisados devem ser relacionados e considerados complementares.

Os marcadores moleculares são usados para determinar a similaridade entre os genótipos, relacionando as proporções de locos com alelos comuns entre as linhagens. É avaliada a probabilidade dos alelos serem idênticos por descendência e não serem idênticos por natureza, mas serem iguais por estado. Bernardo et al. (1996) desenvolveram um método com base na análise do RFLP para estimar coeficiente de parentesco e sua contribuição para avaliar progênies de linhagens e obtiveram resultados eficientes tanto para marcadores com para coeficiente de parentesco. As contribuições dos genitores para seus descendentes foram coerentes com as expectativas.

A identificação de híbridos superiores nos programas de melhoramento requer pesquisas para a escolha destes entre as linhagens do programa, avaliando e comparando os dados obtidos da população. Os métodos de predição de desempenho dos híbridos e a caracterização de linhagens com uso de marcadores moleculares têm sido muito utilizados em algumas espécies. Uma estratégia é correlacionar a distância genética com a CEC, para determinar a relação entre os genitores, grupos heteróticos e as hibridações (Charcosset et al., 1998).

A caracterização da cana-de-açúcar com uso de marcadores moleculares do tipo microssatélites fornece informações essenciais da diversidade genética para os

melhoristas utilizarem nos programas de melhoramento. Os resultados possibilitam fazer a estruturação da diversidade genética das coleções de acordo com a geografia original e nível de ploidia, avaliação ou formação da coleção nuclear e especialmente a construção de um mapa genético (Pandey et al., 2011).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO E DADOS EXPERIMENTAIS

Para realização deste trabalho, foram utilizadas populações, provenientes de 3043 cruzamentos biparentais, envolvendo 541 genitores. Os dados utilizados referem-se aos genitores mais utilizados pelos PMGCA da RIDESA nos últimos 20 anos de hibridação. Foram obtidos cruzamentos biparentais, em número variável por genitor, sendo que alguns cruzamentos foram avaliados em diferentes instituições (IFES) e/ou em anos diferentes.

Os experimentos para avaliação foram distribuídos de acordo com os programas das Universidades Federais que englobam a RIDESA, que são: Universidade Federal de Goiás (UFG), Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFPE), Universidade Federal de Alagoas (UFAL), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), Universidade Federal do Paraná (UFPR), Universidade Federal de São Carlos (UFSCar) e Universidade Federal do Mato Grosso (UFMT). Estas realizam parcerias com empresas e usinas de produção de açúcar e álcool onde instalam seus campos experimentais de pesquisa e realizam os estudos.

As execuções dos cruzamentos foram realizadas na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro, onde o banco de germoplasma da RIDESA está localizado, no município de Murici, estado de Alagoas (09°13'S; 35°50'W; 515m de altitude; pluviosidade anual média de 2363 mm; temperatura mínima média de 18,2°C e temperatura máxima média de 27,9°C). Por sua localização e clima específicos, há o florescimento natural da cana-de-açúcar, necessário para a realização das hibridações. O banco contém aproximadamente 2700 acessos entre variedades utilizadas no país, clones, espécies do “complexo *Saccharum*” e variedades importadas das diferentes regiões canavieiras do mundo (RIDESA, 2010; Barbosa et al., 2012).

Nos campos experimentais na fase T1, primeira fase de seleção no programa de melhoramento de cana-de-açúcar, a seleção é realizada após as hibridações entre genitores previamente selecionados, com consequente obtenção de sementes sexuadas. Selecionados

os parentais, foram produzidas as sementes de cana-de-açúcar por cruzamento biparentais, gerando famílias de irmãos germanos ou completos. Estas sementes foram enviadas para as Universidades Federais (IFES) que compõem a RIDESA e nestas é realizada a semeadura e foram produzidos os *seedlings* (plântulas). Estes últimos são implantados nos campos da fase T1 nas usinas conveniadas pelo programa da RIDESA, formando as famílias que serão avaliadas e selecionadas.

Os caracteres primários utilizados para seleção inicial são vigor da touceira, teor de sólidos solúveis (Brix (%) cana), arquitetura da planta, estatura média do colmo, número de colmos, porte, massa média de colmo, uniformidade, diâmetro médio do colmo, brotação, número de perfilhos por touceira, fechamento, hábito de crescimento, tombamento, florescimento, chochamento, despalha, saliência da gema e resistência a doenças, como carvão, ferrugem, ferrugem alaranjada, escaldadura, mosaico e estrias vermelhas.

No campo foram mensurados os dados dos componentes primários de produção para cada indivíduo presente nas parcelas experimentais das famílias. Diversos caracteres são mensurados ou avaliados visualmente, que consideram os critérios de seleção de cada regional dos programas de melhoramento da RIDESA e dos melhoristas que avaliam o T1. Algumas desses caracteres apresentam maior relevância, por estarem mais fortemente correlacionados com produtividade, como o número, diâmetro, peso e comprimento de colmos.

Nos campos da fase T1, é feita uma seleção entre e dentro das famílias dependendo da estrutura experimental de cada IFES. O mais comum é uma seleção massal dentro das famílias, dado o grande número de clones que é avaliado nessa fase. Os clones selecionados na fase T1 dão origem à fase denominada de T2.

A taxa de seleção é a razão entre o número de indivíduos selecionados para a fase T2 e o número de indivíduos da fase T1, transformada em porcentagem. Essa taxa de seleção, resultante da aplicação dos critérios de seleção em cada família (cruzamento), em cada instituição e em cada ano, constituiu a variável básica para análise no presente trabalho. Foram considerados nas análises apenas genitores que participaram de três ou mais cruzamentos.

3.2 ANÁLISE ESTATÍSTICA

Obtido o conjunto de dados dos bancos de dados da RIDESA, as taxas de seleção foram ajustadas via metodologia BLUP (melhor preditor linear não viesado), que foi usada para prever uma taxa de seleção para cada cruzamento biparental, a qual foi usada nas análises dialélicas. Essas previsões foram feitas considerando como aleatório os efeitos, tanto, das diferentes IFES (o qual inclui efeito de diferentes locais e anos), quanto diferentes cruzamentos e ainda supondo covariância igual a zero entre esses efeitos.

Para as análises de capacidade de combinação foi utilizado o modelo I, proposto por Griffing (1956) – Método IV, próprio para análise dialélica, quando são avaliados os cruzamentos, sem a inclusão dos genitores e recíprocos. O modelo estatístico adotado foi:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : observação referente à combinação híbrida ij ;

μ : média geral;

g_i, g_j : efeito fixo da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo genitor ($i, j = 1, 2, 3, \dots, 543$), respectivamente;

s_{ij} : efeito fixo da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j .

As estimativas dos efeitos do modelo e suas respectivas somas de quadrados foram obtidas utilizando o método dos quadrados mínimos. Usando a, notação matricial, o modelo é descrito como: $Y = X\beta + \varepsilon$; onde Y é o vetor das médias observadas, X é a matriz de coeficientes do modelo, β é o vetor com as estimativas dos parâmetros (CGC) do modelo e ε é o vetor referente aos desvios do modelo. Foram acrescentadas restrições (do tipo soma igual a zero) na matriz X e no vetor Y para obter soluções únicas para o vetor β .

A matriz X foi construída conforme o modelo reduzido: $Y_{ij} = \mu + g_i + g_j$, levando em consideração a média e a CGC dos dois genitores envolvidos. Desse modo, o conjunto das equações normais é dada por $X'X\beta = X'Y$ e a soma de quadrados do modelo

foi obtida por $SQ = \beta'X'Y$, e as estimativas de CGC obtidos por $\tilde{\beta} = (X'X)^{-1}(X'Y)$. As estimativas de CEC foram obtidas por diferença entre os valores observados e os valores preditos e as estimações dos parâmetros foram calculadas da seguinte forma: $SQ_{CEC} = Y'Y - SQ_{\text{modelo}}$ e a $SQ_{CGC} = SQ_{\text{modelo}} - FC$. Sendo FC a soma de quadrados referente à constante do modelo.

Nesta análise, adotou-se procedimento rotineiramente usado na área de melhoramento, em que são consideradas as fontes de variação CGC e CEC. Dada a dimensão dessas matrizes foi utilizado o software R.

3.3 ANÁLISE DE CORRELAÇÃO

Para testar a hipótese de correlação entre as estimativas de CEC com a divergência genética entre os genitores foram utilizados dados do trabalho de Martins (2011), que teve por objetivo estimar a diversidade genética entre genótipos de importância como genitores no Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de Goiás (PMGCA/UFG). Os coeficientes de parentesco entre genitores foram estimados a partir das genealogias conhecidas e as distâncias genéticas foram estimadas a partir de dados de 14 locos microssatélites (SSR). Detalhes das estimativas destes parâmetros estão descritos no trabalho de Martins (2011). Os coeficientes de correlação de Pearson (r) foram estimados independentemente entre as estimativas de CEC (s_{ij} com o coeficiente de parentesco de Malécot e entre CEC e distância genética Dice). Em cada caso foram utilizados dados dos pares de genitores comuns, ou seja, aqueles presentes nos cruzamentos avaliados e para os quais se dispunha dos dados de divergência genética.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 NATUREZA DOS DADOS

A variável utilizada no presente estudo para avaliar o potencial genético de genitores representa uma variável composta, derivada a partir de diferentes variáveis primárias utilizadas na fase de seleção T1 do programa de melhoramento de cana-de-açúcar da RIDESA Brasil. Conceitualmente pode ser considerado um índice de seleção representado pela taxa de seleção, em percentagem, resultante da aplicação dos critérios de seleção nesta fase do programa. Considerando um critério único de seleção e o mesmo tamanho amostral, altas taxas de seleção são geradas em cruzamentos (famílias) com maior média e maior variabilidade fenotípicas (Figura 1). Populações com média e variância baixas geram taxa de seleção baixa ou nula, enquanto taxas médias ocorrem em populações com baixa média e alta variância ou alta média e baixa variância.

A taxa de seleção variou consideravelmente entre instituições componentes do programa dependendo do objetivo geral e específico de cada programa, do campo experimental, da disponibilidade de área e de material, da avaliação subjetiva do melhorista, do ano em que foi realizada a avaliação e do local onde foram avaliados os materiais na fase T1.

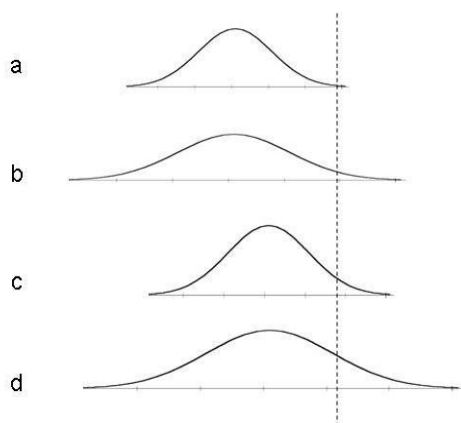


Figura 1. Simulação de seleção em diferentes distribuições; a) média e variância baixas; b) média baixa, variância alta; c) média alta, variância baixa; d) média e variância altas.

Cada cruzamento, em cada local e ano em que foi avaliado, gerou uma taxa de seleção, resultado da aplicação dos critérios de seleção específicos. Outro aspecto relativo à variável é a base de cálculo da taxa que corresponde ao percentual de genótipos selecionados por família (cruzamento biparental) sobre o total de genótipos avaliados, sendo este último bastante variável entre famílias. A taxa média, calculada a partir de 8045 dados originados de 3043 cruzamentos diferentes foi de 1,84% de genótipos selecionados por família, com variação de 0% a 90% e com coeficiente de variação de 142,04%. No entanto, a maioria dos valores situou-se entre 0% e 5%, sendo raros valores acima de 10% (Figura 2-A).

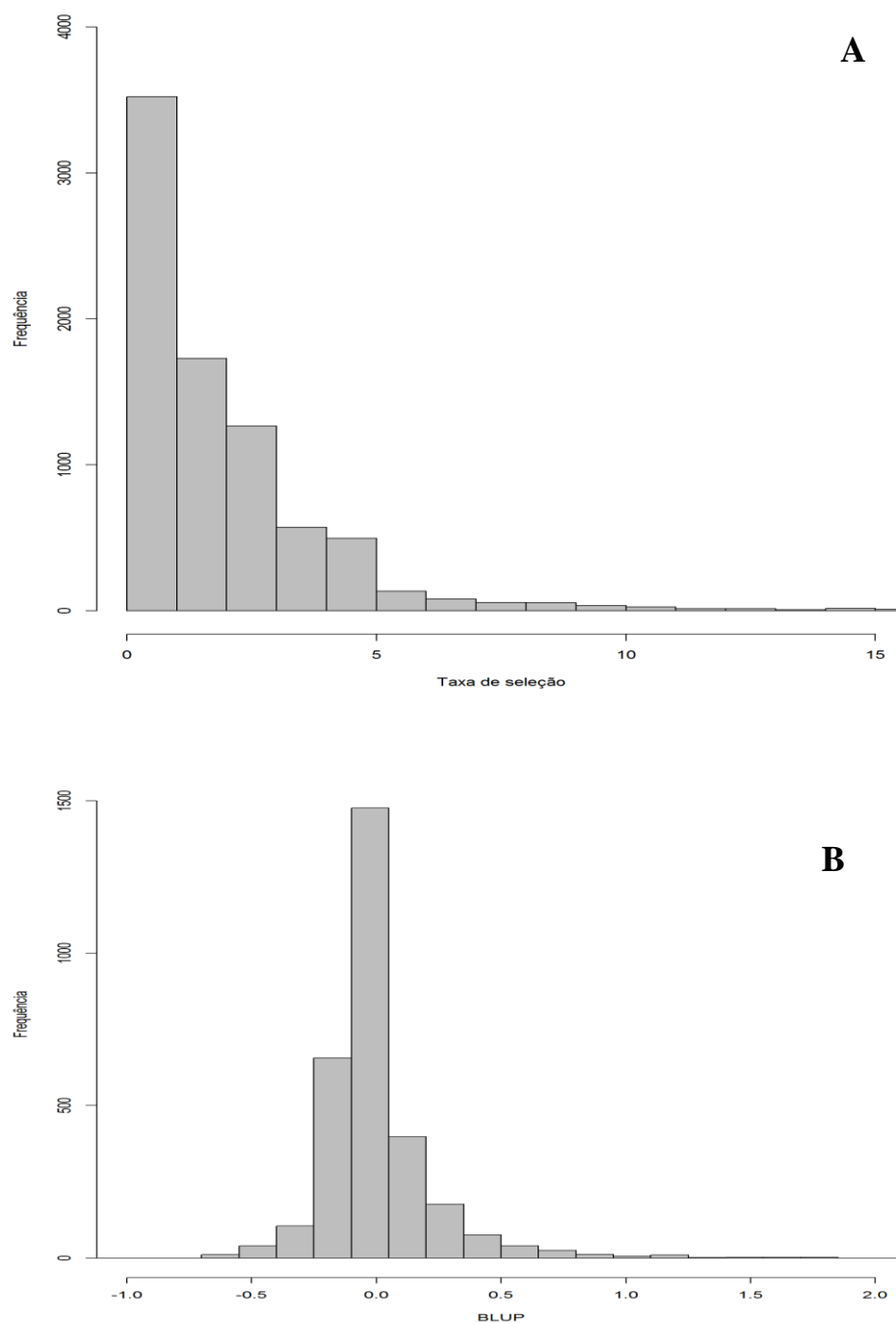


Figura 2. Histograma das frequências dos valores de taxa de seleção. A – Dados originais (8045 valores). B – Valores médios de 3043 cruzamentos preditos pela metodologia BLUP.

As taxas médias por cruzamento, preditas utilizando a metodologia BLUP, considerando efeitos aleatórios de cruzamento e instituições, resultou em valores variando de -0,692 a 4,734, com intercepto de 1,7702 (Figura 2-B). Os efeitos de instituições

variaram de -0,977 (Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro – UFRRJ) a 1,281 (Universidade Federal de Goiás – UFG). Estes valores revelam diferentes intensidades de seleção nessa fase, entre instituições (Tabela 1).

Tabela 1. Efeitos médios de taxa de seleção de instituições da RIDESA Brasil preditos utilizando a metodologia BLUP (Intercepto = 1,7702).

Instituição	BLUP – taxa de seleção
Universidade Federal de Goiás – UFG	1,2817
Universidade Federal de São Carlos – UFSCar	0,8788
Universidade Federal de Alagoas – UFAL	0,2524
Universidade Federal do Paraná – UFPR	-0,1072
Universidade Federal do Mato Grosso – UFMT	-0,1675
Universidade Federal de Pernambuco – UFRPE	-0,3334
Universidade Federal de Viçosa – UFV	-0,8276
Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro – UFRRJ	-0,9772

4.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA

Os resultados da análise de variância, de acordo com o modelo de Griffing (1956), adaptado para o conjunto de cruzamentos disponível, estão apresentados na Tabela 2. Como os valores BLUP utilizados na análise foram obtidos em nível de médias de cruzamentos, não se dispõe de um quadrado médio do erro, na mesma escala dos demais quadrados médios. Assim, a significância da capacidade geral de combinação (CGC) foi testada pelo teste F, utilizando o quadrado médio da capacidade específica de combinação (CEC) como denominador o que representa um teste conservador. O teste F mostrou significância ao nível de 0,1% de probabilidade para o efeito de CGC. Pelo mesmo motivo a significância da CEC não foi testada pelo teste F.

Tabela 2. Análise de variância pelo modelo de Griffing (1956) para a taxa de seleção (BLUP) em 3043 combinações híbridas envolvendo 541 genitores do programa de melhoramento de cana-de-açúcar da RIDESA.

FV	GL	SQ	QM	R ²
CGC	540	40,3512	0,0747***	0,231
CEC	2502	134,3008	0,0537	0,769
Total	3042	174,6520	-	-

***: Valor significativo pelo teste F, a 0,1% de probabilidade.

Na Tabela 2, também estão apresentados os coeficientes de determinação para CGC (0,231) e CEC (0,769). Estes valores indicam que 76,9% da variação total dos dados foram devidos à CEC e 23,1% à CGC. Embora a significância do quadrado médio da CEC não tenha sido testada, o valor de R² demonstra a importância deste efeito na determinação da variação dos dados quando comparada com a CGC. Estes resultados demonstram a possibilidade de seleção de genitores para futuros cruzamentos baseado na capacidade geral de combinação, bem como a existência de complementações específicas reveladas em cruzamentos particulares.

Os resultados de análise de CGC e CEC via modelos dialélicos, normalmente são interpretados quanto a efeitos genéticos, associando-se a CGC predominantemente a efeitos aditivos e CEC a efeitos não aditivos dos genes (Cruz e Regazzi, 1994). No presente caso, como se trata de uma variável composta, esta interpretação não se mostra adequada pelo número e variedade de variáveis primárias consideradas na seleção.

Segundo Cruz e Regazzi (1994), a variância genética aditiva é importante para as constituições genéticas das características avaliadas nos genótipos. Ainda segundo estes autores, quanto maiores forem as estimativas de \hat{g}_i , positivas ou negativas, o genitor em questão é superior ou inferior aos demais genitores. O comportamento médio do genitor é calculado com base da média geral dos cruzamentos em questão e não difere muito dessa média.

4.3 CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO

No presente estudo, deu-se maior ênfase aos efeitos de CGC, tanto pela segurança quanto sua significância estatística, quanto pelo fato de os efeitos de CEC terem sido estimados para um número restrito de cruzamentos em relação ao total de cruzamentos possíveis caso se tivesse um dialelo completo. As estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação para os 541 genitores variaram de 0,4538 a -0,3529 (Figura 3). Estes valores revelam que o melhor genitor acrescentou 0,45 pontos percentuais a mais na taxa de seleção dos cruzamentos de que participou já predita pela metodologia BLUP. Levando-se em conta que o intercepto para as predições foi de 1,7702, o melhor genitor mostrou-se 25,6% superior à média de todos os genitores. No extremo oposto, o genitor que pior contribuiu para os cruzamentos foi 19,9% inferior à média dos genitores.

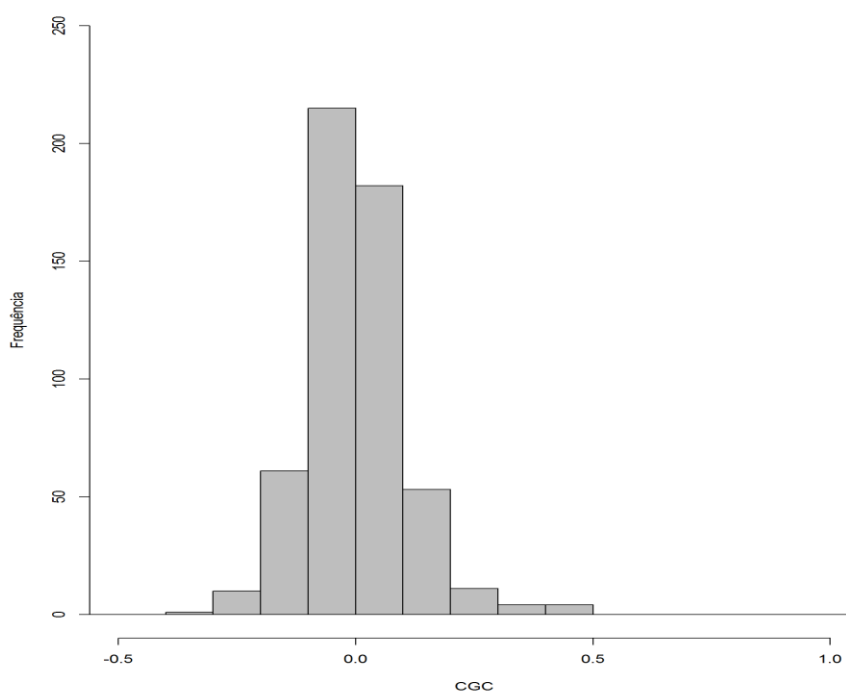


Figura 3. Histograma de frequências das estimativas de capacidade geral de combinação para os 541 genitores de cana-de-açúcar.

Os 50 genótipos superiores quanto à capacidade geral de combinação, estão relacionados na Tabela 3. Os genitores relacionados são potencialmente os melhores, em função da participação dos maiores valores positivos dos efeitos de capacidade geral de

combinação. Apenas com estes genitores seria possível a realização de 1225 cruzamentos. A escolha dos cruzamentos a serem realizados poderia levar em conta outros critérios como a divergência genética e complementaridade entre os genitores.

Tabela 3. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para os 50 genitores superiores de cana-de-açúcar.

Ordem	Genitor	CGC	Ordem	Genitor	CGC
1	RB7893	0,4538	26	RB945957	0,1761
2	RB945956	0,4227	27	RB855589	0,1742
3	RB977666	0,4206	28	SP775181	0,1734
4	RB951558	0,4179	29	RB00509	0,1725
5	B70710	0,3712	30	RB991555	0,1723
6	RB008304	0,3454	31	RB961	0,1722
7	RB99710	0,3299	32	SP801816	0,1703
8	JA6420	0,3118	33	RB957712	0,1669
9	RB865513	0,2922	34	RB00512	0,1657
10	CP82550	0,2889	35	RB951521	0,1640
11	RB855063	0,2781	36	RB971739	0,1611
12	IAC873396	0,2664	37	RB835487	0,1572
13	RB987965	0,2642	38	RB965908	0,1564
14	RB97327	0,2529	39	RB95549	0,1518
15	CB3822	0,2245	40	RB931546	0,1483
16	RB987935	0,2090	41	SP831483	0,1465
17	RB735200	0,2044	42	RB997810	0,1431
18	RB758516	0,2036	43	RB855453	0,1415
19	HJ5741	0,2008	44	CB654	0,1328
20	SP853877	0,1918	45	SP811663	0,1325
21	RB9358	0,1880	46	H566724	0,1320
22	CB4176	0,1869	47	RB997627	0,1295
23	SP832847	0,1839	48	RB961552	0,1293
24	RB971741	0,1783	49	SP803280	0,1280
25	RB975948	0,1762	50	RB865084	0,1235

Os genitores RB7893, RB945956, RB977666, RB951558 e B70710 entre outros, conforme ordenado apresentaram valores elevados para \hat{g}_i (Tabela 3). Estes genitores podem ser indicados como os mais promissores para serem utilizados em cruzamentos para formação de progênies superiores e com maior probabilidade de sucesso nas fases iniciais de seleção.

Dentre os genitores que apresentaram as melhores CGC relacionados na Tabela 3, algumas são variedades comerciais mais cultivadas e plantadas no Brasil, como exemplo a RB855453, SP832847, SP801816 e SP803280 (Chapola et al., 2013).

A heterogeneidade para capacidade geral de combinação é de grande relevância, uma vez que a existência de diversidade genética entre genótipos é importante para a geração de variabilidade genética e a obtenção de ganhos genéticos em função das variáveis selecionadas na fase T1 dos programas de melhoramento.

4.4 CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO

As estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) relativas às 3043 combinações híbridas, pelo modelo de Griffing (1956), apresentaram variação de 4,0800 a -0,9475 (Figura 4). Pela Figura 3, pode-se observar que este maior valor (4,08) pode ser considerado um *outlier* em relação à distribuição dos valores que se concentraram abaixo de 2,0. Este valor refere-se a um cruzamento com poucos indivíduos avaliados e com alta taxa de seleção inicial (90%). Este cruzamento entre os genitores RB945956 e IAC873396 possuía apenas 10 indivíduos na primeira fase de seleção, tendo sido selecionados nove para as próximas fases.

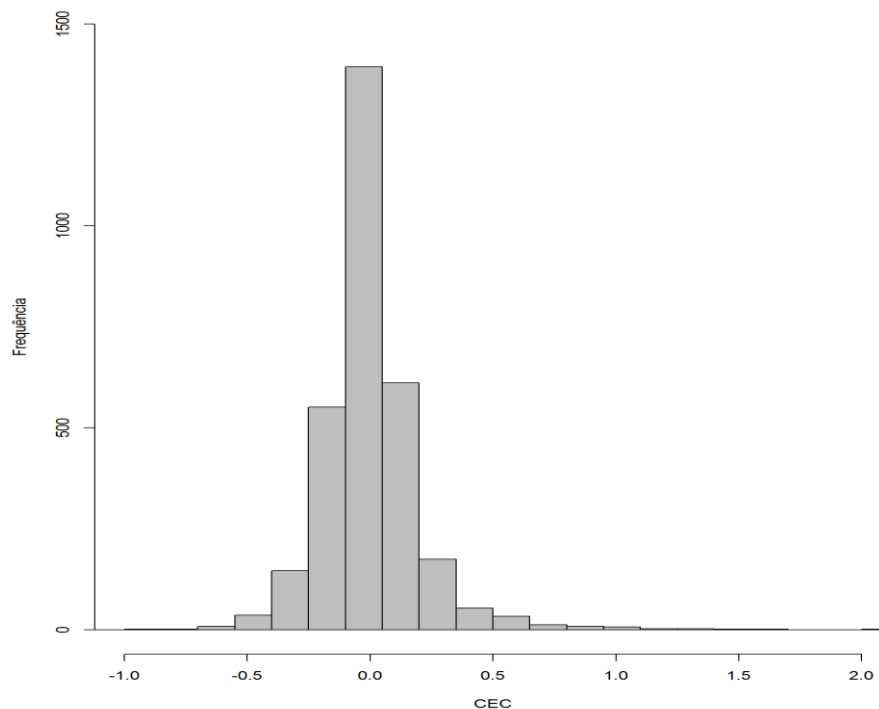


Figura 4. Histograma de frequências das estimativas de capacidade específica de combinação de 3043 cruzamentos de cana-de-açúcar.

Como observado pelo coeficiente de determinação (R^2) a CEC apresentou elevada magnitude, em torno de 77% da variação total para a variável taxa de seleção (Tabela 2). Como consequência, foi possível verificar que os valores extremos preditos da CEC foram maiores, em valor absoluto, que os valores da CGC. Portanto a seleção pode ser feita também com base na CEC.

Com os 541 genitores disponíveis seria possível obter um total de 146.070 combinações híbridas. Destas, apenas 3043 combinações híbridas foram avaliadas e usadas para realizar as predições da CEC, representando uma pequena porcentagem do total que poderia ser estudado. Para os cruzamentos não avaliados seria possível estimar o seu potencial genético com base em um modelo reduzido que considera apenas a CGC desses genitores (Reis et al.; 2005). As estimativas dos componentes da CEC possibilitaram identificar as combinações híbridas mais promissoras para serem usadas como cruzamentos para obtenção das famílias para os programas de melhoramento. As 50 combinações híbridas superiores quanto à capacidade específica de combinação, estão relacionados na Tabela 4. Dentre estes, destacam-se alguns, como: RB945956 com

IAC873396, SP801816 com RB855063, RB72454 com RB721012, RB855063 com RB855127, RB008304 com RB92579 e RB955970 com SP911049.

Pode-se observar que alguns dos melhores genitores quanto à capacidade geral de combinação (Tabela 3) estão envolvidos nos cruzamentos que apresentaram maior capacidade específica de combinação (Tabela 4). Merece destaque o genitor SP832847, que apresentou uma CGC alta, participando de sete cruzamentos entre os 50 melhores cruzamentos apresentado na Tabela 4. O mesmo pode ser relatado para o genitor SP775181, que ocupa a 28ª posição no *rank* das CGC (Tabela 3) e participa de cinco cruzamentos com boa capacidade específica de combinação. Também merece destaque o genitor SP801816 que participa de seis cruzamentos com melhores CEC.

Tabela 4. Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) e número de repetições para as 50 famílias superiores.

	GENITOR 1	GENITOR 2	CEC	NÚMERO REPETIÇÕES
1	RB945956	IAC873396	4,0800	4
2	SP801816	RB855063	2,0776	1
3	RB72454	RB721012	1,5734	3
4	RB855063	RB855127	1,4183	3
5	RB008304	RB92579	1,3747	4
6	RB955970	SP911049	1,2569	2
7	RB855063	SP801816	1,2196	4
8	SP832847	RB825548	1,1889	4
9	CB3822	SP775181	1,0961	4
10	RB835486	SP801816	1,0548	11
11	RB947501	SP803280	1,0160	7
12	RB92579	RB946022	1,0092	5
13	RB867515	RB946022	1,0082	5
14	SP801816	RB855511	1,0058	5
15	SP801816	RB92579	0,9689	8
16	RB835486	SP832847	0,9492	8
17	RB928064	SP801816	0,9347	1
18	RB987935	B70710	0,9229	2
19	SP803280	RB855589	0,8868	11
20	SP775181	RB845197	0,8810	11
21	SP775181	RB955970	0,8739	2
22	RB855511	RB835486	0,8331	4
23	SP832847	RB863129	0,8233	2
24	SP775181	RB855536	0,7512	11
25	RB845197	SP775181	0,7350	2
26	CO62175	RB92579	0,7122	8
27	RB97301	RB98710	0,6962	2
28	RB931003	RB957712	0,6927	2
29	RB845210	RB961	0,6918	2
30	SP832847	SP813250	0,6868	2

31	RB997627	SP792313	0,6786	3
32	RB00512	RB92579	0,6724	3
33	RB931556	RB965688	0,6645	3
34	RB946022	RB92579	0,6602	14
35	RB867515	RB855036	0,6578	3
36	RB855046	RB72454	0,6385	5
37	RB92606	RB92579	0,6310	24
38	RB867515	RB945961	0,6290	12
39	RB845257	NA5679	0,6229	1
40	RB92606	H591966	0,6194	8
41	SP832847	RB855453	0,6117	5
42	RB825336	RB867515	0,6116	3
43	SP792233	RB928064	0,6067	2
44	RB83160	SP716949	0,6049	1
45	SP832847	RB945961	0,5960	4
46	RB946903	RB925345	0,5952	2
47	RB97303	SP792313	0,5950	3
48	SP801842	RB863129	0,5944	2
49	RB9364	SP701143	0,5893	3
50	RB867515	SP832847	0,5873	2

Os dois primeiros cruzamentos, RB945956 e IAC873396 e o SP801816 e RB855063 apresentaram CEC muito elevada quando comparado com os demais. Este resultado pode ser explicado pelo pequeno número de repetições avaliados e pelo pequeno número de plantas por família no experimento de campo T1. Apesar disso, os genótipos referentes a esses cruzamentos, apresentam elevada CGC, ficando entre as 12 primeiras posições os genitores, como o RB945956, RB855063 e o IAC873396 e em 32ª posição o genitor SP801816.

O número de repetições dos cruzamentos avaliados nos campos experimentais dos programas de melhoramento nas universidades mostrou uma variação de um a 24 vezes (Tabela 4). Os cruzamentos que apresentaram maior número de repetições possibilitam uma maior confiabilidade em suas estimativas de CEC. Barbosa et al. (2005) avaliaram os efeitos genéticos aditivos de genitores envolvidos em cruzamentos com predição por BLUP, mostrando o número de vezes que cada genitor participa dos cruzamentos e do potencial do BLUP em prosseguir com essas análises genéticas, mesmo com desequilíbrio quanto ao número de vezes que cada genitor participa do cruzamento.

O efeito da CEC leva em questão um desvio do cruzamento em relação ao que seria esperado, com base na capacidade geral de combinação (CGC) de seus genitores, resultado da complementação gênica entre os genitores. Associado a valores positivos ou negativos de \hat{S}_{ij} , está o comportamento do cruzamento melhor ou pior do que o esperado

com base na CGC dos genitores. Com isso, os melhoristas têm o interesse em combinações híbridas com estimativas de CEC mais favoráveis, que envolva pelo menos um dos genitores com favorável efeito de CGC (Cruz e Regazzi, 1994; Bressiani et al., 2002).

No presente estudo, os resultados foram obtidos a partir do critério de seleção de índices visuais e de variáveis que foram quantificadas, na primeira fase de seleção do programa de melhoramento de cana-de-açúcar feito com base na variável composta formada por diversos atributos. Foi possível observar que a variabilidade genética existente entre os genitores avaliados indica possibilidade de sucesso na seleção. Contudo, a utilização dessa variável composta tornou difícil a comparação dos resultados obtidos nesse estudo com outros trabalhos, uma vez que estes são baseados em variáveis primárias, ou seja, cada caráter é avaliado individualmente, como por exemplo, Brix, Pol, TCH, número de colmos, entre outras.

Estudo realizado por Bastos et al. (2003) com oito variedades de cana-de-açúcar avaliadas segundo um dialelo desbalanceado, analisou algumas variáveis primárias. Foi constatado que os caracteres número de colmos, Brix e porcentagem de colmos floridos apresentaram predominância dos efeitos aditivos, verificado pela maior estimativa de CGC e os caracteres peso médio dos colmos, toneladas de cana por hectare e tonelada de açúcar por hectare apresentaram estimativas superiores de CEC.

Em outro estudo realizado por Silva et al. (2002) com 21 variedade de cana-de-açúcar em esquema dialélico, foi observada significância para os efeitos CGC para Brix, peso da touceira, diâmetro e número de colmos.

Bressiani et al. (2002) utilizaram oito variedades em um dialelo completo avaliando variáveis primárias. Foram obtidas diferenças significativas da CGC para Brix, toneladas de cana por hectare (TCH), número de colmos industrializáveis, incidência de ferrugem e nível de isoporização, enquanto que para CEC houve significância para todas as características, exceto número de colmos e nível de isoporização. Desse modo, os autores relatam que deve ser priorizada a seleção de genótipos com base na CGC e, depois, entre combinações híbridas de genótipos de alta CGC e CEC.

A utilização da CGC tem sido priorizada, não desconsiderando a CEC que também é significativa para diversos caracteres. Desse modo, quando o objetivo for selecionar caracteres individualmente, é melhor utilizar análises baseadas em variáveis primárias, sendo possível encontrar os genótipos ou combinações híbridas para o caráter de interesse. Por outro lado, o presente estudo demonstra a utilização de uma variável

composta, que considera várias características primárias em uma única análise, para avaliar tanto os genitores como as combinações híbridas, o que permite obter ganhos genéticos em fases iniciais de seleção. Neste caso, a seleção com base na CGC deve ser priorizada por permitir selecionar genitores, que em média, gerarão famílias com maior número de indivíduos superiores.. A seleção com base na CEC poderia ser realizada dentro do conjunto de cruzamentos avaliados, podendo-se repetir aqueles com maior potencial, utilizando uma amostragem mais adequada.

Os efeitos genéticos aditivos e não aditivos em cana-de-açúcar dependem de propriedades genéticas como frequência alélica, complementaridade e divergência genética com tendência de serem os efeitos aditivos superiores aos não aditivos (Wu et al., 1980; Barbosa et al., 2005). Também foi relatado por Hogarth (1980) que os efeitos da capacidade geral de combinação parecem ser mais importantes que os efeitos da capacidade específica de combinação para muitas características.

Conforme Vencovsky (1970) a complementação é o fenômeno em que dois genitores de um cruzamento se completam, ou seja, quando num conjunto dos locos, um dos genitores possui alguns alelos favoráveis com frequência baixa e o outro tem frequência alta para esse alelo, então se complementam. A complementação específica, associada o efeitos de dominância, entre pares de genitores contribui assim para um melhor desempenho de híbridos.

4.5 DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENITORES

A distância genética estimada pelo coeficiente de parentesco de Malècot variou de 0,00 a 0,5039 com média de 0,0370 nas 1179 combinações híbridas obtidas por Martins (2011) e presentes neste estudo. Naquele trabalho, o coeficiente de parentesco variou de 0,00 a 0,75, com valor médio de 0,03.

A similaridade genética estimada pelo coeficiente de Dice variou de 0,3530 (entre RB83102 e SP791011) a 0,6610 (entre RB945961 e RB925345) com média de 0,5193 nos 186 combinações comuns entre este trabalho e as obtidas por Martins (2011), usando informações dos marcadores moleculares do tipo microssatélites – SSR. Segundo o trabalho de Martins (2011), os coeficientes de similaridade genética variaram de 0,21 a 0,72 com valor médio de 0,51 entre os genótipos.

Na Figura 5 estão apresentados os histogramas de frequências para distância genética utilizando coeficiente de parentesco de Malècot e similaridade genética obtida por meio de análise por marcadores moleculares via coeficiente de Dice. Foram utilizadas classes de intervalos variando de acordo com os valores médios e distribuídos em função da frequência estabelecida. Pode-se notar que a distribuição dos coeficientes de parentesco de Malècot não apresentou tendência a uma distribuição normal. Para a similaridade genética pelo coeficiente de Dice foi observada uma aparente tendência a uma distribuição normal.

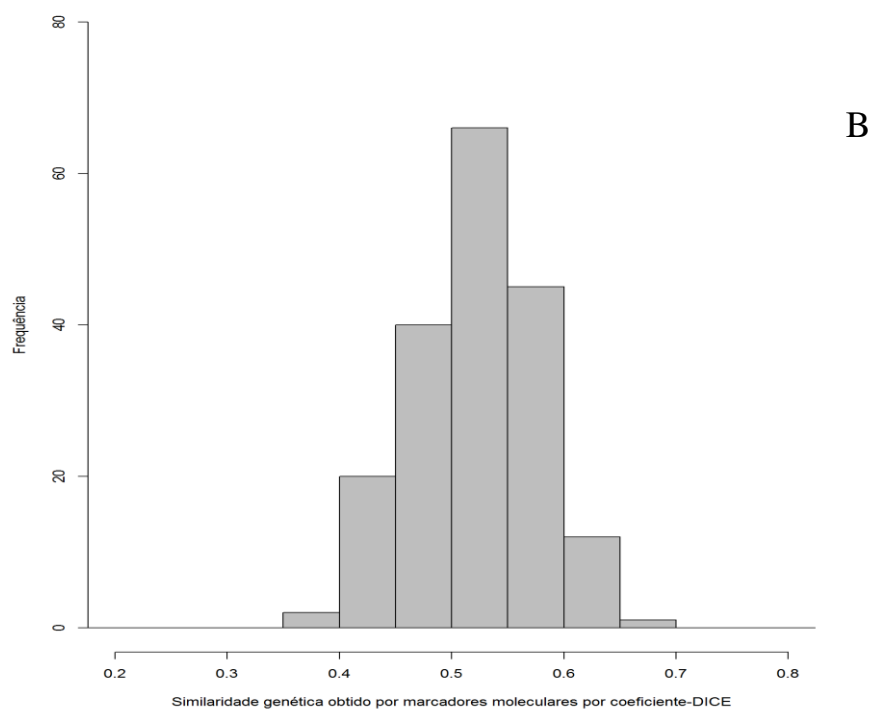
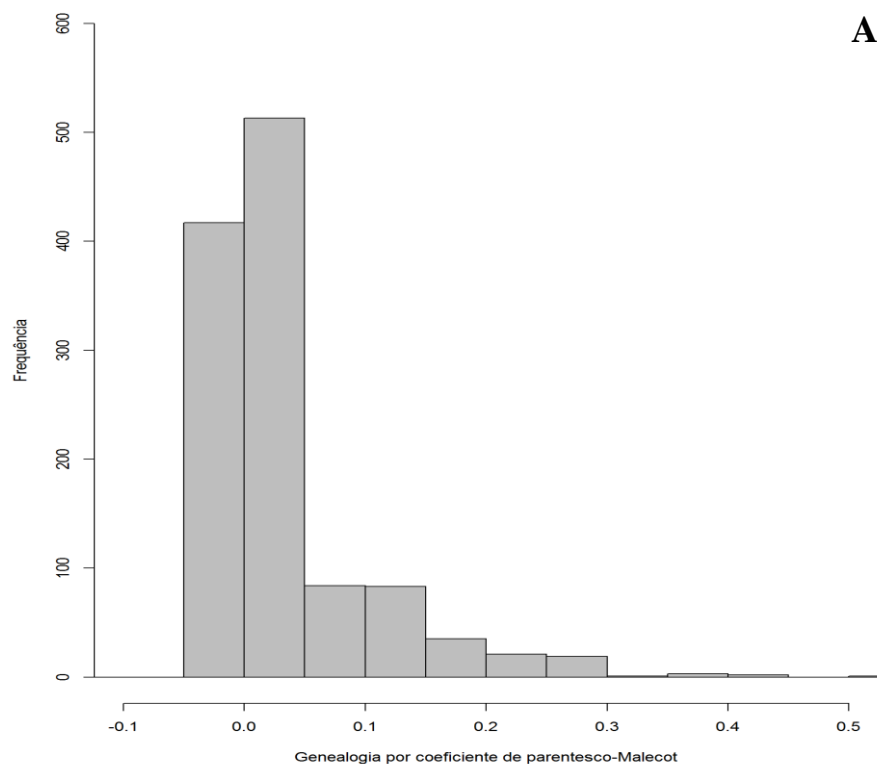


Figura 5. Histograma das frequências. A – Genealogia por coeficiente de parentesco Malècot. B – Similaridade genética por marcadores moleculares por coeficiente Dice.

Dos 3043 cruzamentos que tiveram CEC preditas no presente estudo, apenas para 1179 pares de genitores foram obtidas as divergências genéticas pelo coeficiente de parentesco de Malècot (Martins 2011). As similaridades genéticas obtidas de marcadores moleculares por coeficiente de Dice apresentaram estimativas para apenas 186 pares de genitores comuns avaliados no presente estudo (Tabela 5).

Os resultados da associação entre as diferentes medidas de divergências genéticas e a CEC, avaliada pelo coeficiente de correlação de Pearson são apresentados na Tabela 5.

Tabela 5. Correlação de Pearson (r) entre as estimativas de CEC (s_{ii}) com os coeficientes de parentesco de Malècot e Dice .

	Parentesco	Dice
r	-0,0591	-0,0821
Número de pares de observações	1179	186
p-valor – teste t	0,0420*	0,2653 ^{ns}

*: Valor significativos pelo teste t, a 5% de probabilidade.

Conforme a Tabela 5 existe significância para o coeficiente de correlação das estimativas de capacidade específica de combinação com o coeficiente de parentesco de Malècot ($r = -0,0591$) a 5% de probabilidade pelo teste t ($p < 0,05$; $n = 1179$), apesar da baixa magnitude da associação. Entretanto, não foi observada a significância com a similaridade genética estimada pelo coeficiente de Dice com relação a CEC, com $n = 186$. Conforme verificado no gráfico de dispersão (Figura 6).

Embora fraca, a correlação negativa entre distâncias por genealogia com a CEC indica que quanto menor o parentesco maior a CEC. Para valores de CEC superiores a 0,8 sempre foi possível verificar cruzamentos entre genitores com parentesco próximo de zero. Por outro lado não há evidência de que a baixa capacidade específica de combinação esteja relacionada a alto ou baixo parentesco, conforme verificado no gráfico de dispersão (Figura 6 - A).

A capacidade específica de combinação não foi correlacionada com a similaridade genética entre os genitores baseada em marcadores moleculares. Desse modo não foi possível evidenciar relação entre a divergência genética e as capacidades

específicas de combinação, com estimativas de -0,08, conforme verificado no gráfico de dispersão (Figura 6 - B).

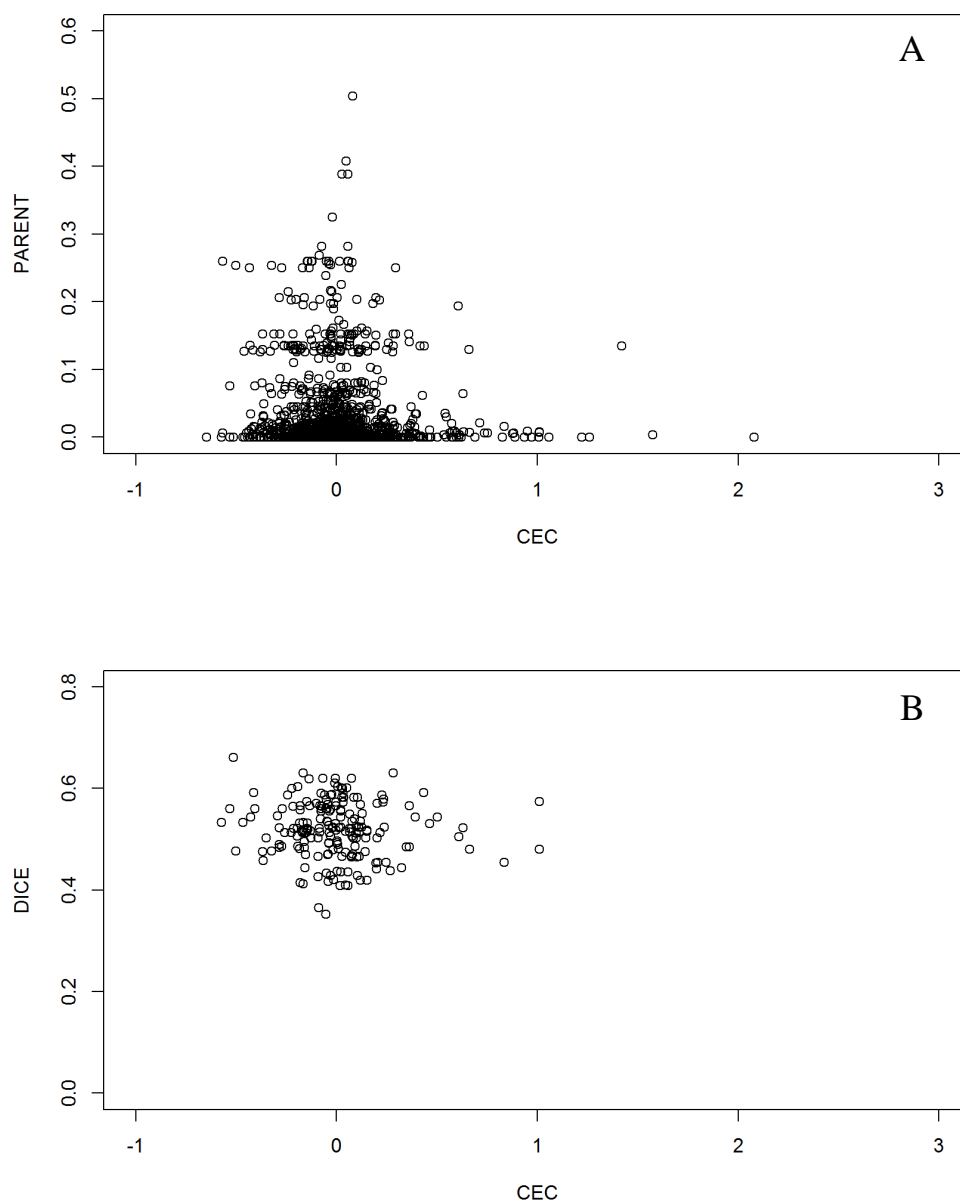


Figura 6. Gráfico de dispersão da capacidade específica de combinação (CEC) com o coeficiente de parentesco de Malécot (A) e com similaridade genética com base em 14 locos SSR obtida pelo coeficiente Dice (B).

No estudo realizado por Martins (2011), que trabalhou com divergência genética e parentesco entre clones de cana-de-açúcar, foi avaliada a correlação entre a matriz de parentesco e a matriz de similaridade genética, obtendo uma correlação de $r = 0,07$. Conforme Martins (2011), essa baixa correlação se deve ao fato de ter utilizado

grande número de genótipos, alguns sem genitores conhecidos e/ou não apresentarem genealogia completa.

Silva (2012) determinou o nível de correlação entre a similaridade genética nos marcadores EST-SSR e o coeficiente de parentesco via genealogia e obteve um coeficiente $r = 0,08$, de baixa magnitude, porém significativa. Ainda em seu estudo, relatou que a similaridade genética obtida pelo coeficiente de parentesco proporcionou previsões mais acuradas para as estimativas de CEC, quando comparadas com as similaridades estimadas pelo coeficiente de Jaccard.

A CEC é diretamente proporcional à divergência genética, com isso têm-se maiores chances de se obter uma combinação híbrida promissora entre genitores divergentes (Ferreira et al., 1995). Os resultados do presente trabalho mostram que é restrita a possibilidade de utilizar as medidas de distâncias genéticas geradas por genealogias ou marcadores SSR, para prever o comportamento de cruzamentos. Mesmo assim a seleção de pares de genitores com baixo coeficiente de parentesco é indicada, uma vez que os mais altos valores de CEC estão associados a baixos valores deste coeficiente.

A magnitude e a significância das associações entre desempenho de híbridos e as distâncias genéticas estimadas, especialmente com marcadores moleculares, depende do número de marcadores, da sua ligação genética e fenotípica e contribuição de cada um dos locos que controlam os caracteres estudados, do coeficiente de herdabilidade do caráter e o controle dos efeitos ambientais e suas interações durante os vários estágios de desenvolvimento da planta (Cornide et al., 2003). Segundo estes autores, espera-se que as informações dos estudos de mapeamento de genes possa ser utilizada para aumentar o poder de previsão do melhoramento de cana-de-açúcar.

Recomenda-se continuar com as pesquisas na área de estimação de capacidade combinatória para alcançar o aumento da eficiência dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar. Neste sentido, recomenda-se realizar avaliações que levem em consideração caracteres específicos o que pode levar a diferentes resultados quanto à associação entre caracteres.

Uma das maneiras de se ter o controle dos cruzamentos é realizar o estudo da divergência genética, conhecendo-se a genealogia por meio do coeficiente de parentesco entre os genitores, e calculando-se a distância genética por meio de marcadores moleculares. Estas podem ser ferramentas importantes para o planejamento dos cruzamentos em programas de melhoramento de cana-de-açúcar, apoiando-se nos bancos

de dados de inúmeras informações dos cruzamentos, das seleções e das características agronômicas.

5 CONCLUSÃO

Os resultados obtidos no presente estudo permitem apontar as seguintes conclusões:

1. A taxa de seleção, utilizada como variável composta é eficiente para selecionar genótipos potencialmente promissores na primeira fase de seleção de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar.
2. A seleção de genitores para cruzamentos pode ser realizada tanto com base na Capacidade Geral de Combinação de cada genótipo quanto na Capacidade Específica de Combinação de cruzamentos específicos.
3. A Capacidade Específica de Combinação está fracamente correlacionada com o coeficiente de parentesco dos genitores e não está correlacionada com a distância baseada em marcadores SSR.

6 REFERÊNCIAS

ALBINO, J. C.; CRESTE, S.; FIGUEIRA, A. Mapeamento genético em cana-de-açúcar: Uso de marcadores moleculares no mapeamento genético visando o melhoramento da cana de açúcar. **Biociência**, v. 36, p. 82-91, 2006.

BADALOO, G. H.; DOMAINGUE, R.; RAMDOYAL, K. A critical review of parental choice and cross prediction techniques in the Msiri sugar cane breeding programme. **Food and Agricultural Research Council**, Reunion, Mauritius. 1998.

BARBOSA, M. H. P. Perspectivas para o melhoramento da cana-de-açúcar. In: **Simpósio de atualização em Genética e Melhoramento de Plantas**, 4. Lavras: UFLA, 2000.

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

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BARBOSA, G. V. S.; OLIVEIRA, R. A.; PETERNELLI, L. A.; DAROS, E. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 2012.

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Estratégias de melhoramento genético da cana-de-açúcar em universidades. In: **IX Simpósio sobre seleção recorrente**. Lavras: UFLA, 2005.

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

BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of the performance of crosses between untested maize inbreds. **Crop Science**. 1996.

BERNARDO, R.; MURIGNEUX, A.; KARAMAN, Z. Marker-based estimates of identity by descent and likeness in state among maize inbreds. **Theoretical and Applied Genetics**. 1996.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, Ed. 5, 2009.

BRESSIANI, J. A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. 2001. 104 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 2001.

BRESSIANI, J. A.; BURNQUIST, W. L.; FUZATTO, S. R.; BONATO, A. L. V.; GERALDI, I. O. Combining ability in eight selected clones of sugarcane (*Saccharum* sp). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.2, n.3, p.411-416, 2002.

CHAPOLA, R. G.; CRUZ, J. A.; NUNES, I. K.; FERNANDES-J, A. R. **Censo Varietal 2012**. Centro de Ciências Agrárias – Universidade Federal de São Carlos. 2013. 55p.

CHARCOSSET, A.; BONNISSEAU, B.; TOUCHEBEUF, O.; BURSTIN. J.; DUBREUIL, P.; BARRIÈRE, Y.; GALLAIS, A. Denis J.B. Prediction of maize hybrid silage performance using market data: comparison of several models for specific combining ability. **Crop Scienc.** 1998.

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

CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar, primeiro levantamento, maio/2011**. Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento, 2011.

CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar, terceiro levantamento, dezembro/2012**. Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento, 2012.

CORNIDE, M. T.; SÁNCHEZ, J. E.; CANALES, E.; LEONARD, H.; RODRIGUEZ. M.; MESA, J. Comparative application of RFLP and AFLP to monitoring genetic diversity among a group of sugarcane varieties and their relationship to family performance. **Cultivos Tropicales, Instituto Nacional de Ciências Agrícolas La Habana, Cuba**. vol. 24, n.3, p.59-65. 2003.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994. 390p.

FERRARI, F. **Caracterização cromossômica em cana-de-açúcar**. 2010. 91 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Vegetal)-Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2010.

FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C.; SANTOS, M. X.; RAMALHO, M. A. P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.9, p.1189-1194, set. 1995.

FERREIRA, F. M.; BARROSO, W. S.; SILVA, F. L.; BARBOSA, M. H. P. B.; CRUZ, C. V.; BASTOS, I. T. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.4, p.605-610, 2007.

FIGUEIREDO, P. Breve histórico da cana-de-açúcar e do papel do Instituto Agrônômico no seu estabelecimento no Brasil. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. de A. **Cana-de-açúcar**. Instituto Agrônômico Campinas. 2008.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Division of plant industry, CSIRO**, Canberra, 1959.

HENRY, R. J. Basic Information on the sugarcane plant. In: HENRY, R.; KOLE, C. (Ed.). **Genetics, genomics and breeding of sugarcane**. New York: CRC Press, 2010.

Hogarth, D. M. The effects of accidental selfing on the analysis of a diallel cross with sugar cane. **Euphytica**. 29:737-746. 1980.

LANDELL, M. G. de A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento Genético, Caracterização e Manejo Varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. de A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo. 2008.

LANDELL, M. G. de A.; PINTO, R. L. Melhoramento genético e manejo varietal em cana-de-açúcar: histórico, variabilidade, seleção, obtenção de variedades, conceitos de manejo varietal e principais variedades. In: **Tópicos da cultura da cana-de-açúcar**, 2009, São Paulo: Instituto Agrônomo de Capinas, 2009.

LIMA, M. L. A.; GARCIA, A. A. F.; OLIVEIRA, K. M.; MATSUOKA, S.; ARIZONO, H.; SOUZA JR., C. L.; SOUZA, A. P. Analysis of genetic similarity detected by AFLP and coefficient of parentage among genotypes of sugar cane (*Saccharum* spp.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 104, p. 30-38, 2002.

MARTINS, A. C. F. da S. **Divergência genética e parentesco entre clones de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.)**, 2011. 71 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2011.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, 2005.

MING, R.; MOORE, P.; WU, K.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J. C.; TEW, T. L.; MIRKOV, T. E.; SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHNELL, R. J.; BRUMBLEY, S. M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J. C.; PATERSON, A. H. **Sugarcane improvement through breeding and biotechnology** John Wiley & Sons, Inc., 2006, 104 p.

MIRANDA FILHO, J. B. de; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.649-671.

NAIR, N. V.; NAIR, S.; SREENIVASAN, T. V.; MOHAN, M. Analysis of genetic diversity and phylogeny in *Saccharum* and related genera using RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 46, p. 73-79, 1999.

PANDEY, A.; MISHRA, R. K.; MISHRA, S.; SINGH, Y.P.; PATHAK, S. Assessment of genetic diversity among sugarcane cultivars (*Saccharum officinarum* L.) using simple sequence repeats markers. **Journal of Biological Science**.2011.

PETERNELLI, L. A.; FERREIRA, F. M.; ROCHA, R. B.; BARROS, W. S.; BARBOSA, M. H. P. Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R. **Bragantia**, v. 68, n. 4, p. 849-855, 2009.

PEDROZO, C. A. **Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar**. 2006. 120 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, 2006.

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**, 2008.

Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro. **Catálogo Nacional de Variedades “RB” de cana-de-açúcar, 2010**. Curitiba, 2010.

REIS, A. J. S.; CHAVES, L. J.; DUARTE, J. B.; BRASIL, E. M. Prediction of hybrid means from a partial circulant diallel table using the ordinary least square and the mixed model methods. **Genetics and Molecular Biology**, 28,2, 2005.

RODRIGUES, R. A produção de alimentos em canaviais. In: PARANHOS, S.B. **Cana-de-açúcar: cultivo e utilização**. São Paulo: Fundação Cargill, 1987. v.2.

SCARPARI, M. S.; BEAUCLAIR, E. G. F. Anatomia e Botânica. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. de A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agronômico. 2008.

SILVA, G. C. **Diversidade genética e capacidade combinatória em cana-de-açúcar utilizando informações de pedigree e de marcadores moleculares**. 2012. 112 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras. Lavras, 2012.

SILVA, M. A.; LANDELL, M. G. A.; GONÇALVES, P. S.; BRESSIANI, J. A.; CAMPANA, M. P. Estimates of general and specific combining ability for yield components in a partial sugarcane diallel cross. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.1, p.107-112, 2002.

SINDHU, R.; GOVINDARAJ, P.; BALAMURUGAN, A.; APPUNU, C. Genetic diversity in sugarcane hybrids (*Saccharum* spp. complex) grown in tropical India based on STMS markers. **Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology**, Oxford, v.20, n.1, p.118-124, Jan.2011.

SINGH, R. K.; MISHRA, S. K.; SINGH, S. P.; MISHRA, N.; SHARMA, M. L. Evaluation of microsatellite markers for genetic diversity analysis among sugarcane species and commercial hybrids. **Australian Journal of Crop Science**. 2010.

SWAPNA, M.; SIVARAJU, K.; SHARMA, R. K.; SINGH, N. K.; MOHAPABRA, T. Single-strand conformational polymorphism of EST-SSRs: a potential tool for diversity analysis and varietal identification in sugarcane. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 29, p. 505-513, 2011.

SRIVASTAVA, H. M.; SRIVASTAVA, S.; KUMAR, R.; MISRA, G. P. Genetic Divergence among Interspecific Hybrids of Sugarcane. **SUGAR TECH**, v. 1, 1999.

THERNEAU, T.; ATKINSON, E.; SINNWELL, J.; MATSUMOTO, M.; SCHAID, D.; MCDONNELL, S. Package 'kinship2', 2012. 29 p. Disponível em: <http://cran.r-project.org>. Acesso em: 11 set. 2011.

VASCONCELOS, A. C. M.; Fatores que influenciam o enraizamento das plantas. In: **Tópicos da cultura da cana-de-açúcar**, 2009, São Paulo: Instituto Agrônômico de Campinas, 2009.

VELLO, N. A.; HIROMOTO, D. M.; AZEVEDO FILHO, A. J. B. V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germoplasm. **Revista Brasileira Genética**, 11, 1988.

VENCOVSKY, S. K. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, 1970. 59p. Tese de Livre-Docente – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo. 1970.

WU, K. K.; HEINZ, D. J.; MEYER, H. K.; LADD, S. L. Combining ability and parental evaluation in five selected clones of sugarcane (*Saccharum* sp. Hybrids). **Theoretical and Applied Genetics**. 56, 241 – 244. 1980.

APÊNDICES

Apêndice A. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para os 250 genitores superiores de cana-de-açúcar.

Ordem	Genitor	CGC	Ordem	Genitor	CGC
1	RB7893	0,4538	126	RB928064	0,0560
2	RB945956	0,4227	127	RB99386	0,0549
3	RB977666	0,4206	128	RB945962	0,0542
4	RB951558	0,4179	129	RB945961	0,0542
5	B70710	0,3712	130	RB805013	0,0535
6	RB008304	0,3454	131	RB825317	0,0523
7	RB99710	0,3299	132	BJ7015	0,0507
8	JA6420	0,3118	133	RB931513	0,0502
9	RB865513	0,2922	134	CP65357	0,0501
10	CP82550	0,2889	135	RB863129	0,0499
11	RB855063	0,2781	136	Q136	0,0462
12	IAC873396	0,2664	137	RB845231	0,0459
13	RB987965	0,2642	138	RB855313	0,0457
14	RB97327	0,2529	139	RB941019	0,0455
15	CB3822	0,2245	140	RB91537	0,0454
16	RB987935	0,2090	141	CO775	0,0453
17	RB735200	0,2044	142	RB855206	0,0453
18	RB758516	0,2036	143	SP842029	0,0444
19	HJ5741	0,2008	144	RB751194	0,0437
20	SP853877	0,1918	145	H839998	0,0436
21	RB9358	0,1880	146	RB835870	0,0433
22	CB4176	0,1869	147	RB845239	0,0433
23	SP832847	0,1839	148	SP80180	0,0416
24	RB971741	0,1783	149	RB932520	0,0416
25	RB975948	0,1762	150	RB965624	0,0410
26	RB945957	0,1761	151	RB962012	0,0400
27	RB855589	0,1742	152	RB99395	0,0388
28	SP775181	0,1734	153	RB855086	0,0378
29	RB00509	0,1725	154	RB742002	0,0376
30	RB991555	0,1723	155	RB961003	0,0375
31	RB961	0,1722	156	RB842021	0,0372
32	SP801816	0,1703	157	RB896342	0,0371
33	RB957712	0,1669	158	RB925345	0,0367
34	RB00512	0,1657	159	RB00416	0,0360
35	RB951521	0,1640	160	CB3624	0,0360
36	RB971739	0,1611	161	RB83160	0,0346
37	RB835487	0,1572	162	SP80185	0,0346
38	RB965908	0,1564	163	RB735220	0,0343

39	RB95549	0,1518	164	RB947520	0,0340
40	RB931546	0,1483	165	RB825336	0,0336
41	SP831483	0,1465	166	RB965922	0,0327
42	RB997810	0,1431	167	SP88819	0,0326
43	RB855453	0,1415	168	RB935910	0,0326
44	CB654	0,1328	169	RB011595	0,0321
45	SP811663	0,1325	170	B42231	0,0320
46	H566724	0,1320	171	RB855574	0,0313
47	RB997627	0,1295	172	RB988113	0,0313
48	RB961552	0,1293	173	IAC822045	0,0308
49	SP803280	0,1280	174	RB966229	0,0308
50	RB865084	0,1235	175	RB915079	0,0307
51	RB981806	0,1219	176	RB845257	0,0306
52	IAC862480	0,1193	177	RB925463	0,0301
53	RB97303	0,1191	178	IAC6812	0,0297
54	RB925301	0,1176	179	NCO310	0,0289
55	PO8862	0,1148	180	RB941531	0,0288
56	RB965906	0,1140	181	RB918600	0,0275
57	RB845197	0,1136	182	MEX5481	0,0273
58	RB721012	0,1135	183	RB946022	0,0270
59	CP721210	0,1121	184	RB040811	0,0268
60	RB92579	0,1119	185	RB931565	0,0267
61	RB011535	0,1095	186	H591966	0,0265
62	RB965505	0,1083	187	SP847017	0,0263
63	RB865152	0,1066	188	RB855002	0,0259
64	RB918862	0,1058	189	RB745228	0,0257
65	RB855536	0,1054	190	RB865547	0,0255
66	RB855186	0,1053	191	RB835019	0,0253
67	RB931578	0,1045	192	RB040802	0,0253
68	RB937570	0,1023	193	RB8495	0,0252
69	RB805580	0,1021	194	RB858718	0,0245
70	RB867515	0,1009	195	RB83215	0,0245
71	RB936001	0,1008	196	RB72454	0,0241
72	RB971527	0,1007	197	RB9350	0,0241
73	CO62175	0,0999	198	RB947506	0,0237
74	RB931556	0,0990	199	RB739331	0,0237
75	RB925274	0,0974	200	L6569	0,0233
76	SP724928	0,0962	201	RB855584	0,0230
77	RB965920	0,0946	202	RB966927	0,0224
78	RB957506	0,0929	203	RB732577	0,0223
79	RB855511	0,0920	204	TUC6711	0,0221
80	RB997984	0,0912	205	SP933500	0,0219

81	RB912695	0,0893	206	RB70141	0,0218
82	RB855176	0,0890	207	RB965517	0,0213
83	RB945955	0,0880	208	SP804439	0,0211
84	SP801842	0,0878	209	RB943365	0,0210
85	RB925276	0,0875	210	RB971758	0,0208
86	SP87565	0,0873	211	RB865526	0,0204
87	RB855465	0,0871	212	RB931020	0,0203
88	CO421	0,0864	213	RB765418	0,0200
89	RB9364	0,0853	214	RB918603	0,0200
90	RB965902	0,0849	215	RB965688	0,0196
91	RB97301	0,0847	216	RB825548	0,0193
92	RB845222	0,0838	217	RB97319	0,0184
93	SP792313	0,0819	218	RB815606	0,0177
94	F147	0,0809	219	SP911049	0,0175
95	RB92526	0,0807	220	RB957689	0,0167
96	RB988067	0,0804	221	RB935535	0,0161
97	UFPR3	0,0796	222	CB453	0,0159
98	RB739359	0,0793	223	RB95541	0,0153
99	RB835205	0,0785	224	RB925200	0,0152
100	RB977619	0,0764	225	RB957751	0,0142
101	UFPR1	0,0764	226	LAICA00307	0,0139
102	Q107	0,0762	227	CB47355	0,0138
103	H677241	0,0758	228	RB011715	0,0137
104	RB017998	0,0746	229	RB931575	0,0119
105	VAT90186	0,0743	230	28NG289	0,0110
106	RB722052	0,0716	231	RB957610	0,0100
107	RB935912	0,0716	232	RB855611	0,0099
108	RB925298	0,0711	233	POJ2878	0,0098
109	RB98710	0,0691	234	RB918877	0,0090
110	RB941016	0,0681	235	RB997548	0,0090
111	RB96524	0,0680	236	RB01477	0,0081
112	H641881	0,0675	237	RB971749	0,0078
113	SP842025	0,0665	238	RB008344	0,0077
114	RB931611	0,0664	239	RB998118	0,0074
115	SP792233	0,0664	240	RB931602	0,0071
116	RB991534	0,0654	241	RB855077	0,0066
117	RB92606	0,0651	242	RB987933	0,0064
118	SP826108	0,0635	243	RB00516	0,0058
119	RB01616	0,0631	244	RB966922	0,0047
120	RB805035	0,0621	245	VAT90212	0,0043
121	CB61122	0,0620	246	RB955355	0,0041
122	RB835486	0,0600	247	RB9557	0,0034

123	RB98347	0,0596	248	RB01461	0,0031
124	RB912525	0,0595	249	RB951560	0,0031
125	RB855127	0,0586	250	RB953265	0,0028

Apêndice B. Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) para as 200 famílias superiores.

	GENITOR 1	GENITOR 2	CEC		GENITOR 1	GENITOR 2	CEC
1	RB945956	IAC873396	40,800	126	SP803280	RB935744	0.343148
2	SP801816	RB855063	20,776	127	SP832847	SP801816	0.333895
3	RB72454	RB721012	15,734	128	RB931565	IAC862210	0.32765
4	RB855063	RB855127	14,183	129	RB93509	RB971527	0.325912
5	RB008304	RB92579	13,747	130	RB855511	RB925345	0.32233
6	RB955970	SP911049	12,569	131	SP801816	RB855206	0.320501
7	RB855063	SP801816	12,196	132	RB966229	RB92579	0.319363
8	SP832847	RB825548	11,889	133	RB835487	RB896342	0.317739
9	CB3822	SP775181	10,961	134	RB92606	RB99386	0.316066
10	RB835486	SP801816	10,548	135	RB855453	SP813250	0.315253
11	RB947501	SP803280	10,160	136	SP716949	RB825548	0.313232
12	RB92579	RB946022	10,092	137	RB72454	JA6420	0.311079
13	RB867515	RB946022	10,082	138	CO62175	RB865230	0.307638
14	SP801816	RB855511	10,058	139	SP813250	SP775181	0.304268
15	SP801816	RB92579	0,9689	140	RB956911	SP832847	0.302962
16	RB835486	SP832847	0,9492	141	SP803280	RB739735	0.298842
17	RB928064	SP801816	0,9347	142	RB865230	RB91537	0.298159
18	RB987935	B70710	0,9229	143	RB855589	SP803280	0.297806
19	SP803280	RB855589	0,8868	144	H641881	RB855156	0.295394
20	SP775181	RB845197	0,8810	145	SP775181	RB867515	0.293694
21	SP775181	RB955970	0,8739	146	RB855002	NA76128	0.293412
22	RB855511	RB835486	0,8331	147	RB925211	RB997671	0.293153
23	SP832847	RB863129	0,8233	148	F150	RB845222	0.293077
24	SP775181	RB855536	0,7512	149	SP803280	SP801842	0.292232
25	RB845197	SP775181	0,7350	150	RB845210	SP933500	0.292208
26	CO62175	RB92579	0,7122	151	RB83102	RB855536	0.291882
27	RB97301	RB98710	0,6962	152	RB945065	RB912695	0.290507
28	RB931003	RB957712	0,6927	153	SP911049	RB945964	0.290453
29	RB845210	RB961	0,6918	154	RB863129	RB867515	0.289267
30	SP832847	SP813250	0,6868	155	RB855181	RB91537	0.288592
31	RB997627	SP792313	0,6786	156	RB945955	RB925211	0.288108
32	RB00512	RB92579	0,6724	157	SP853877	RB867515	0.287313
33	RB931556	RB965688	0,6645	158	SP832847	RB72454	0.286029
34	RB946022	RB92579	0,6602	159	CP701133	RB72454	0.285889
35	RB867515	RB855036	0,6578	160	RB75126	SP791011	0.285482

36	RB855046	RB72454	0,6385	161	RB806043	SP891115	0.28524
37	RB92606	RB92579	0,6310	162	RB855156	SP803280	0.283904
38	RB867515	RB945961	0,6290	163	RB925211	SP832847	0.283293
39	RB845257	NA5679	0,6229	164	SP813250	RB925345	0.282962
40	RB92606	H591966	0,6194	165	RB011568	RB98710	0.281961
41	SP832847	RB855453	0,6117	166	RB92579	SP801816	0.281852
42	RB825336	RB867515	0,6116	167	RB855563	RB855002	0.281557
43	SP792233	RB928064	0,6067	168	SP701143	RB835089	0.280946
44	RB83160	SP716949	0,6049	169	RB855536	RB83102	0.280882
45	SP832847	RB945961	0,5960	170	RB855546	RB92579	0.280673
46	RB946903	RB925345	0,5952	171	SP832847	RB855206	0.27992
47	RB97303	SP792313	0,5950	172	SP803280	RB947501	0.277966
48	SP801842	RB863129	0,5944	173	F150	RB805013	0.27741
49	RB9364	SP701143	0,5893	174	SP701143	RB931556	0.27464
50	RB867515	SP832847	0,5873	175	RB758516	CP721210	0.274311
51	RB751194	RB72454	0.581199	176	RB83160	RB72454	0.274269
52	RB75126	RB765418	0.577609	177	RB867515	RB945954	0.273111
53	RB865513	SP832847	0.575018	178	RB99395	RB987965	0.273079
54	RB855156	RB925345	0.573194	179	RB925345	RB937570	0.271978
55	SP811663	SP88819	0.571994	180	RB93509	TUC717	0.271928
56	SP701284	RB855113	0.571194	181	CB3822	RB845210	0.270574
57	RB945961	SP832847	0.562023	182	RB72454	RB83102	0.270175
58	H603875	RB92579	0.561131	183	RB855453	RB825237	0.269693
59	RB00509	RB855127	0.550973	184	RB835089	RB845257	0.265727
60	SP803280	SP792233	0.545652	185	RB925345	RB855350	0.265524
61	RB825317	RB867515	0.544871	186	RB813804	RB971739	0.265447
62	SP791011	SP832847	0.539016	187	SP832847	RB72199	0.264566
63	RB957712	RB93522	0.537738	188	RB863129	RB931011	0.26407
64	RB971739	RB987933	0.533569	189	RB011535	RB947520	0.263514
65	SP701143	SP775181	0.533183	190	SP80185	RB957751	0.263252
66	SP853877	RB855536	0.52578	191	RB896342	RB91537	0.262545
67	RB99395	RB867515	0.522334	192	RB855536	SP775181	0.262161
68	RB925345	RB735200	0.501934	193	RB855465	RB855511	0.261986
69	RB965517	RB991555	0.482411	194	H641881	VAT90212	0.260147
70	RB951558	RB93509	0.475714	195	RB931013	SP701143	0.260099
71	RB961	RB845210	0.468848	196	RB72454	RB941019	0.259402
72	RB855511	SP801816	0.466792	197	SP801816	RB855563	0.259145
73	SP911049	RB92579	0.462667	198	IAC862210	SP701143	0.257895
74	RB855035	RB92579	0.461783	199	TUC717	RB966928	0.256385
75	RB735200	SP801816	0.454396	200	IAC873396	RB92579	0.254777
76	CP731547	RB855511	0.448748	201	RB946022	SP891115	0.253998
77	RB9350	RB855453	0.44546	202	RB825336	NA5679	0.253982
78	RB997984	IAC862210	0.442137	203	RB935925	RB825548	0.253773
79	RB971755	RB97319	0.435433	204	RB965908	RB867515	0.253773
80	RB855536	RB855595	0.434441	205	RB931530	RB945961	0.253346

81	RB925345	RB915121	0.433191	206	Q124	RB961003	0.252998
82	RB72454	IAC823092	0.426143	207	RB945960	RB867515	0.25113
83	RB92565	SP701143	0.423619	208	H641881	RB931530	0.249955
84	RB739735	RB7893	0.422079	209	RB855536	RB867515	0.249692
85	SP775181	RB845239	0.41631	210	RB855584	RB855046	0.249605
86	RB855002	RB855595	0.416012	211	RB825237	RB855511	0.246181
87	SP803280	SP813250	0.414672	212	RB855025	RB735220	0.245724
88	RB835019	SP724928	0.413524	213	RB855176	RB855113	0.245628
89	RB987935	RB813804	0.412555	214	RB957689	SP853877	0.245554
90	SP813250	RB867515	0.411799	215	RB965911	RB941019	0.244389
91	SP803280	RB72454	0.408857	216	IAC862210	RB91514	0.24386
92	RB92606	SP792233	0.40557	217	RB855035	RB946903	0.243634
93	L6014	RB855536	0.397764	218	SP911049	SP832847	0.24271
94	RB99386	SP832847	0.39632	219	RB947501	RB925345	0.240256
95	SP87565	SP842029	0.396301	220	RB92606	RB91514	0.23947
96	SP701143	RB751194	0.395928	221	RB825548	RB835486	0.237765
97	RB928064	IAC862210	0.394292	222	RB845222	RB971747	0.237731
98	SP911049	RB953180	0.39157	223	RB835486	RB855453	0.236592
99	L6014	RB855002	0.391335	224	SP911049	RB72454	0.236425
100	SP775181	RB835486	0.389607	225	Q107	SP716949	0.236323
101	L6014	RB915087	0.389202	226	RB93509	SP775181	0.236145
102	RB965688	RB931566	0.385497	227	SP775181	RB935744	0.235744
103	RB928064	RB957506	0.38107	228	SP842025	SP831483	0.23504
104	RB931530	RB855511	0.380534	229	SP832847	RB956911	0.234962
105	RB835486	RB855206	0.377789	230	L6014	RB75126	0.234808
106	RB835486	SP775181	0.375607	231	RB855453	RB92579	0.234681
107	RB855536	SP701284	0.371169	232	RB75126	RB855463	0.233912
108	NA5679	RB845210	0.370618	233	SP811663	IAC862210	0.23386
109	H641881	RB845231	0.369545	234	SP911049	RB955970	0.232876
110	SP801842	RB72454	0.367119	235	RB97711	RB815627	0.232622
111	RB951019	RB72454	0.364355	236	RB965906	RB00512	0.232296
112	RB72454	SP832847	0.363029	237	RB855598	SP791011	0.231362
113	SP775181	RB00509	0.362118	238	RB95541	RB988113	0.230489
114	RB855035	RB925345	0.361945	239	SP813250	SP835073	0.230287
115	RB855511	RB92579	0.361169	240	H328560	RB825237	0.230178
116	RB835089	RB867515	0.360456	241	RB912695	RB945065	0.229507
117	RB855113	RB835089	0.357949	242	SP813250	RB863129	0.228841
118	RB931530	RB928064	0.354479	243	RB925211	RB946022	0.228184
119	RB835486	SP853877	0.353226	244	RB946015	CP801743	0.228079
120	SP911049	RB865230	0.351065	245	SP803280	RB855127	0.227422
121	RB835870	SP832847	0.350859	246	RB941531	RB925211	0.227389
122	RB00509	RB845210	0.347615	247	SP80185	RB855036	0.227116
123	RB92579	RB855511	0.346169	248	RB83160	CP5376	0.226333
124	RB931003	RB98347	0.344018	249	CO62175	IAC822045	0.226312
125	RB72454	SP803280	0.343857	250	SP933500	RB855589	0.225949

